

10.08.99

日本国特許庁

PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

REC'D 27 SEP 1999

WIPO PCT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日

Date of Application:

1998年 7月24日

出願番号

Application Number:

平成10年特許願第208820号

出願人

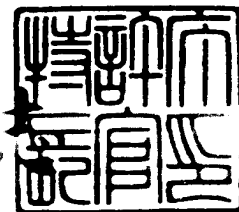
Applicant(s):

財団法人相模中央化学研究所
株式会社プロテジーンPRIORITY
DOCUMENTSUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

1999年 8月27日

特許庁長官
Commissioner
Patent Office

平佐一 建



出証番号 出証特平11-3059788

【書類名】 特許願

【整理番号】 S018160

【提出日】 平成10年 7月24日

【あて先】 特許庁長官殿

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質およびそれをコードするDNA

【請求項の数】 6

【発明者】

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松3-46-50

 【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

 【住所又は居所】 東京都葛飾区高砂5-13-11

 【氏名】 山口 知子

【特許出願人】

 【代表出願人】

 【識別番号】 000173762

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

 【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

 【代表者】 近藤 聖

 【電話番号】 0427(42)4791

【特許出願人】

 【識別番号】 596134998

 【住所又は居所】 東京都目黒区中町2丁目20番3号

 【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

 【代表者】 棚井 丈雄

 【電話番号】 03(3792)1019

【手数料の表示】

 【予納台帳番号】 011501

 【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】	明細書	1
【物件名】	図面	1
【物件名】	要約書	1
【プルーフの要否】	要	

【書類名】 明細書

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質およびそれをコードする DNA

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項 2】 請求項 1 記載の蛋白質のいずれかをコードする DNA。

【請求項 3】 配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA。

【請求項 4】 配列番号 21 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項 3 記載の cDNA。

【請求項 5】 請求項 2 から請求項 4 のいずれかに記載の DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター。

【請求項 6】 請求項 2 から請求項 4 のいずれかに記載の DNA を発現し、請求項 1 記載の蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現させた真核細胞に関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒト cDNA は、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、この cDNA がコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらの遺伝子を導入して分泌蛋白質や膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0002】

【従来の技術】

細胞は多くの蛋白質を細胞外に分泌している。これらの分泌蛋白質は、細胞の増殖制御、分化誘導、物質輸送、生体防御などにおいて重要な役割を果たしている。分泌蛋白質は細胞内蛋白質と異なり細胞外で作用するので、注射や点滴などによる体内投与が可能であり、医薬としての可能性を秘めている。事実、インターフェロン、インターロイキン、エリスロポイエチン、血栓溶解剤など、多くのヒト分泌蛋白質が現在医薬として使用されている。また、これら以外の分泌蛋白質についても臨床試験が進行中であり、医薬品を目指した用途開発がなされている。ヒト細胞は、まだ多くの未知の分泌蛋白質を生産していると考えられており、これらの分泌蛋白質並びにそれをコードしている遺伝子が入手できれば、これらを用いた新しい医薬品開発が期待できる。

【0003】

一方、膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャンネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャンネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローン化されている。これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

【0004】

従来、これらの分泌蛋白質や膜蛋白質は、ヒト細胞から精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを真核細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする活性を有する蛋白質を分泌発現あるいは膜表面上に発現している細胞をスクリーニングする、いわゆる発現クローニング法である。しかしこの方法

【0005】

一般に分泌蛋白質や膜蛋白質は、蛋白質内部に少なくとも一個所疎水性ドメイ

ンを有しており、リボソームで合成された後、このドメインが分泌シグナルとして働いたり、リン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長 cDNA の全塩基配列を決定してやり、その cDNA がコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い領域が存在すれば、その cDNA は分泌蛋白質や膜蛋白質をコードしていると考えられる。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、疎水性ドメインを有する新規のヒト蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現しうる形質転換真核細胞を提供することである。

【0007】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは鋭意研究の結果、ヒト完全長 cDNA バンクの中から疎水性ドメインを有する蛋白質をコードする cDNA をクローン化し、本発明を完成した。すなわち、本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA、並びにこの DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター、及びこの DNA を発現し上記蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞を提供する。

【0008】

【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の疎水性ドメインをコードする DNA を用いて組換え DNA 技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換え DNA 技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明の cDNA を有するベクターからインビトロ転写によって RNA を調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベ

クターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞で、コードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

【0009】

本発明の蛋白質を、インビトロ翻訳でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加してやれば、本発明の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。

また、反応系にイヌ脾臓ミクロソームなどを添加してやれば、本発明の蛋白質を分泌型あるいはミクロソーム膜に組み込まれた形で発現することができる。

【0010】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物でDNAを発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、このcDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript

【0011】

本発明の蛋白質を、真核細胞でDNAを発現させて生産させる場合には、この

cDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を分泌生産あるいは膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pED6dpc2、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、本蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リボソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

【0012】

本発明の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせる行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

【0013】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で分泌される。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法[特開平8-187100]を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセッシングを受けて分泌型となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な真核細胞

で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

【0014】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

【0015】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)⁺RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法[Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-170 (1982)]、Gubler-Hoffman法[Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263-269 (1983)]などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]を用いることが望ましい。また市販のヒトcDNAライブラリーを用いることもできる。cDNAライブラリーから本発明のcDNAをクローン化するには、本発明のcDNAの任意の部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはプラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とするcDNA断片の両末端にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、ヒト細胞から単離したmRNAからRT-PCR法により、本発明のcDNA断片を調製することもできる。

【0016】

本発明のcDNA断片は、配列番号21から配列番号22で表される塩基配列のいずれかを含むことを特徴とするものである。それぞれのクローン番号(HP番号)、cDNAクロー

ンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表1にまとめて示した。

【0017】

【表1】

表1

配列番号	HP番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、11、21	HP01550	胃癌	510	125
2、12、22	HP02593	Sa os-2	697	131
3、13、23	HP10195	HT-1080	1619	242
4、14、24	HP10423	U-2 OS	1066	264
5、15、25	HP10506	胃癌	618	112
6、16、26	HP10507	胃癌	1021	146
7、17、27	HP10548	胃癌	1432	344
8、18、28	HP10566	胃癌	601	97
9、19、29	HP10567	胃癌	585	124
10、20、30	HP10568	胃癌	1100	327

【0018】

なお、配列番号11から配列番号30のいずれかに記載のcDNAの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

【0019】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号11から配列番号30において、1又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／又は他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAも本発明の範疇には

いる。

【0020】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号9で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

【0021】

本発明のcDNAには、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【0022】

【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用いた。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]に従った。

【0023】

(1) 疎水性ドメインを有する蛋白質をコードしているcDNAの選別

cDNAライブラリーとして、骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリー(WO97/33993)、骨肉腫細胞株U-2 OS cDNAライブラリー

ライブラリー(WO98/21328)、手術によって摘出された胃癌組織cDNAライブラリー(WO98/21328)を用いた。個々のライブラリーから

完全長cDNAクローンを選択し、その全塩基配列決定を行い、完全長cDNAクローンからなるホモ・プロテインcDNAバンクを構築した。ホモ・プロテインcDNAバンクに登録された完全長cDNAクローンがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittleの方法[Kyte, J & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157:105-132 (1982)]により、疎水性／親水性プロファイルを求め、疎水性ドメインの有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に分泌シグナルや膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域があるクローンを候補クローンとして選別した。

【0024】

(2) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明のcDNAを有するプラスミドベクターを用いて、T_NTウサギ網状赤血球溶解物キット（プロメガ社製）によるインビトロ転写／翻訳を行なった。この際 [³⁵S] メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド2 μgを、T_NTウサギ網状赤血球溶解物12.5 μl、緩衝液（キットに付属）0.5 μl、アミノ酸混合液（Metを含まない）2 μl、 [³⁵S] メチオニン（アマーシャム社）2 μl（0.37 MBq / μl）、T7 RNAポリメラーゼ0.5 μl、RNasin 20 Uを含む総量25 μlの反応液中で30℃で90分間反応させた。また、膜系存在下の実験は、この反応系に、イヌ脾臓ミクロソーム画分（プロメガ）2.5 μlを添加して行った。反応液3 μlにSDSサンプリングバッファー（125 mMトリス塩酸緩衝液、pH 6.8、120 mM 2-メルカプトエタノール、2% SDS溶液、0.025% ブロモフェノールブルー、20% グリセロール）2 μlを加え、95℃ 3分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

【0025】

(3) COS 7による発現

本発明の蛋白質の発現ベクターを有する大腸菌を100 μg / ml アンピシリン含有2 x YT培地2 ml中で37℃ 2時間培養した後、ヘルパーファージM1

3 KO7 (50 μ l) を添加し、37℃で一晩培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを100 μ lの1 mM トリス-0.1 mM EDTA、pH 8 (TE) に懸濁した。

【0026】

サル腎臓由来培養細胞COS7は、10%ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル (DMEM) 培地中、5%CO₂存在下、37℃で培養した。1 × 10⁵個のCOS7細胞を6穴プレート (ヌンク社、穴の直径3 cm) に植え、5%CO₂存在下、37℃で22時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに50 mM トリス塩酸 (pH 7.5) を含むDMEM (TDMEM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液1 μ l、DMEM 培地0.6 ml、TRANSFECTAMTM (IBF社) 3 μ l を懸濁したものを添加し、5%CO₂存在下、37℃で3時間培養した。サンプル液を除去後、TDMEMで細胞表面を洗浄し、10%ウシ胎児血清含有DMEMを1穴あたり2 ml 加え、5%CO₂存在下、37℃にて2日間培養した。培地を [³⁵S] システインあるいは [³⁵S] メチオニンを含む培地に交換した後、1時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、培地面分と細胞膜面分の蛋白質をSDS-PAGEにかけた。

【0027】

(4) クローン例

<HP01550> (配列番号1、11、21)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP01550のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、65 bpの5' 非翻訳領域、378 bpのORF、67 bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは125アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図1にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白

の相対的な分子重量と、その推定分子量はほぼ同一であることが、この翻訳産物が生成した

【0028】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質 F45G2. c (GenBank アクセシオン番号 Z93382) と類似性を有していた。表 2 に、本発明のヒト蛋白質 (HP) と線虫仮想蛋白質 F45G2. c (CE) のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、44.5% の相同性を有していた。

【 0 0 2 9 】

【表 2】

表 2

HP MAKYLAQIIVMGVQVVGRAFARALRQEF-----AASRAAADARGRAGHRSAAASNLS-

.....*.*.**.*.*.....**.***.....*.*.**.

CE MPWRTALKVALAAGEAVAKALTRAVRDEIKQTQQAAARHAASTGQSASETRENANSNAKL

HP GLSLOEAQQILNV-SKLSPEEVQKNYEHLFKVNDKSVGGSFYLQSKVVRAKERLDEEL-K

..*.*.* *.*.*.*.* *.*.*.*.* *.*.*.*.* *.*.*.*.* *.*.*.*.* *.*.*.*.*

CE GISLEESLQILNVKTPLNREEVEKHYEHLFNINDKSKGGTLYLQSKVFRAKERIDEFGR

HP IQAQEDREKGOMPHT

* * * *

CE IELKEEKKKEENAKTE

【 0 0 3 0 】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA338859）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【 0 0 3 1 】

<HP02593> (配列番号 2、12、22)

ヒト骨肉腫細胞株 S a o s - 2 c D N A ライブラリーから得られたクローン H P 0 2 5 9 3 の c D N A インスールの全塩基配列を決定したところ、 1 0 3 b p

の5' 非翻訳領域、396bpのORF、198bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは131アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、C末端に4箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図2にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0032】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトOB-R遺伝子関連蛋白質（EMBLアクセシオン番号Y12670）と類似性を有していた。表3に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒトOB-R遺伝子関連蛋白質（OB）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、67.9%の相同性を有していた。

【0033】

【表3】

表3

HP	MAGIKALISLSFGGAIGLMFLMLGCALPIYNKYWPLFVLFFYILSPIPYCIARRLVDDTD
	..***.***** ***** *.*****.*.****.***.*.***
OB	MAGVKALVALSFSGAIGLTFLMLGCALEDYGVYWPLFVLIFHAISPIPHFIAKRVTYDSD
HP	AMSNACKELAIFLTGTIVVSAFGLPIVFARAHLEWGACALVLTGNTVIFATILGFFLVF
	*.***.*** *.*****.*.***.***.*****.***.*** ** ***.***
OB	ATSSACRELAYFFTTGIVVSAFGFPVILARVAVIKWGACGLVLAGNAVIFLTIQGFFLIF
HP	GSNDDFSWQQW
	*.*****.**
OB	GRGDDFSWEQW

また、本発明のアミノ酸配列を用いて、NCBIデータベースを検索したところ、Genbank Tの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA3

06490)が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0035】

<HP 10195> (配列番号3、13、23)

ヒトフィブロサルゴーマHT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10195のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、286bpの5'非翻訳領域、729bpのORF、604bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは242アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、C末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量27,300よりやや大きい32kDaの翻訳産物が生成した。

【 0 0 3 6 】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、アメフラシ (A p l y s i a) V A P - 3 3 (S W I S S - P R O T アクセス番号 P 5 3 1 7 3) と類似性を有していた。表 4 に、本発明のヒト蛋白質 (H P) とアメフラシ (A p l y s i a) V A P - 3 3 (A P) のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、4 6. 5 % の相同性を有していた。

【0037】

【表 4】

表 4

HP MAKHEQILVLDPPPTDLKFKGPFTDVVTTNLKLRNPSDRKVCFKVKTTAPRRYCVRPNNGI

AP MASHEQALILEPAGELRFKGPFTDVVTADLKLSNPTDRRICFKVKTAPKRYCVRPNNGI

HP IDPGSTVTVSVMLQPFDYDPNEKSKHKFMVQTIFAPPNTSD-MEAVWKEAKPDELMDSKL

.....*.....*.....*****.....*****.....*****.....**.....*.....**.....*.....**.....**.....*


```

AP LEPKTSIAVAVMLQPFNYDPNEKNKHKFMVQSMYAPDHVVESQELLWKDAPPESLMDTKL
HP RCVFEMPENENDKLNDMEPSK-----AVPLNASKQDGPMPKP-HSVSLNDTE
*****..... . . .*. . . . . * . . . **. . *. . . .
AP RCVFEMPDPGSHQAPASDASRATDAGAHFSESALEDPTVASRKTETQSPKRVGAVGSAGED
HP TRKLMEECKRLQGEMMKLSEENRHLRDEGLRLRKVAHSD--KPGSTSTASFRDNVTSPLP
..** . * *. *. *. *.**..*.***.***.***.***.***.***.***.***.***.*
AP VKKLQHELKKAQSEITSLKGENSEQLKDEGIRLRKVAMTDTVSPTPLNPSAPAAAVRAFP
HP SLLVVIAAIFIGFLLGKFIL
... *.***..*...***.*
AP PVVYVVAAILGLIIGKFL

```

【0038】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA447905）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0039】

<HP10423>（配列番号4、14、24）

ヒト骨肉腫細胞株U-2 OS cDNAライブラリーから得られたクローンHP10423のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、64bpの5' 非翻訳領域、795bpのORF、207bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは264アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナル、N末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図4にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量29,377とほぼ同じ30kDaの翻訳産物が生成した。

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号D80

116) が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0041】

<HP10506> (配列番号5、15、25)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10506のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、53bpの5' 非翻訳領域、339bpのORF、226bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは112アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図5にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量11,821とほぼ同じ12kDaの翻訳産物が生成した。

【0042】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセッション番号AA282544）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0043】

<HP10507> (配列番号6、16、26)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10507のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、412bpの5' 非翻訳領域、441bpのORF、168bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは146アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナルが、C末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図6にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量16,347よりやや大きい19kDaの翻訳産物が生成した。

【0044】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセッション番号AA4

24759) が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0045】

<HP10548> (配列番号7、17、27)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10548のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、330bpの5' 非翻訳領域、1035bpのORF、67bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは344アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図7にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0046】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセッション番号AA143152）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0047】

<HP10566> (配列番号8、18、28)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10566のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、61bpの5' 非翻訳領域、294bpのORF、246bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは97アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、C末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図8にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量11,452とほぼ同じ12kDaの翻訳産物が生成した。

また、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセッション番号AA18211）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコ

ードしているかどうかは判定できない。

【0048】

<HP10567> (配列番号9、19、29)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10567のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、77bpの5'非翻訳領域、375bpのORF、133bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは124アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、C末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量14,484とほぼ同じ14kDaの翻訳産物が生成した。

【0049】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA428475）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0050】

<HP10568> (配列番号10、20、30)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10568のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、56bpの5'非翻訳領域、984bpのORF、60bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは327アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナルが、C末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量34,326にほぼ一致する36.5kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、糖鎖が付加されたと考えられる40kDaの産物が生成した。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が2箇所（138番目Asn-Leu-Thr、206番目Asn-Leu-Se

【 0 0 5 1 】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト細胞表面A33抗原（SWISS-PROTアクセション番号Q99795）と類似性を有していた。表5に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒト細胞表面A33抗原（A3）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端領域243残基において、30.0%の相同性を有していた。

【表 5】

表 5

* . . * . . * . . * . . ** . . . * . *** ** * . *

HP SFVQPGKPISESHPILYFTNGHLYPTGSKSKRVSLNQNPPTVG VATLKLTDVHPSDTGT Y

.....*.....*.....*.....*.....*.....*.....*.....*.....*.....*

HP LCQVNNPPDFEYTNGLGLINLTVLVPPSNPLCSQSGQTSVGGSTALRCSSSEGAPKPVYNW

* * . * . * . . * **** * * . * * . * . * * * * * *

HP VRLGTFPTSPGSMVQDEVSGQLILTNLSLTSSGTYRCVATNQMGSA
SCELTSLSVTEPS-

* . . . * . . . * . . . ** * * . . . * . * . . * . * . . * . *

HP -QGRVAGALIGVLLGVLLLSVAAFCLVRFQKERGKKPKETYGGSDLREDAIAPGISEHTC

A. MÄLYGOLAVGVAALEI KOLLEKTORIN ENNEN KÄSIVÄYTTÖFOLKELSKA

HP MRADSSKGFLERPSSASTVTTTKSKLPMVV

A3 EREEEDDYRQEEQRSTGRES PDHLDQ

【0053】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号T24595）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0054】

【発明の効果】

本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞を提供する。本発明の蛋白質は、いずれも分泌されるかあるいは細胞膜に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、細胞の増殖や分化の制御に関わる制癌剤などの医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このDNAを用いることにより、この蛋白質を大量に発現することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0055】

【配列表】

配列番号：1

配列の長さ：125

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 胃癌

クローン名: HPO1550

配列

```

Met Ala Lys Tyr Leu Ala Gln Ile Ile Val Met Gly Val Gln Val Val
 1           5           10           15
Gly Arg Ala Phe Ala Arg Ala Leu Arg Gln Glu Phe Ala Ala Ser Arg
          20           25           30
Ala Ala Ala Asp Ala Arg Gly Arg Ala Gly His Arg Ser Ala Ala Ala
        35           40           45
Ser Asn Leu Ser Gly Leu Ser Leu Gln Glu Ala Gln Gln Ile Leu Asn
       50           55           60
Val Ser Lys Leu Ser Pro Glu Glu Val Gln Lys Asn Tyr Glu His Leu
      65           70           75           80
Phe Lys Val Asn Asp Lys Ser Val Gly Gly Ser Phe Tyr Leu Gln Ser
          85           90           95
Lys Val Val Arg Ala Lys Glu Arg Leu Asp Glu Glu Leu Lys Ile Gln
        100          105          110
Ala Gln Glu Asp Arg Glu Lys Gly Gln Met Pro His Thr
       115          120          125
    
```

【0056】

配列番号: 2

配列の長さ: 131

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

種別: 蛋白質

データベース名: 未定

起源:

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP02593

配列

Met Ala Gly Ile Lys Ala Leu Ile Ser Leu Ser Phe Gly Gly Ala Ile

1 5 10 15

Gly Leu Met Phe Leu Met Leu Gly Cys Ala Leu Pro Ile Tyr Asn Lys

20 25 30

Tyr Trp Pro Leu Phe Val Leu Phe Phe Tyr Ile Leu Ser Pro Ile Pro

35 40 45

Tyr Cys Ile Ala Arg Arg Leu Val Asp Asp Thr Asp Ala Met Ser Asn

50 55 60

Ala Cys Lys Glu Leu Ala Ile Phe Leu Thr Thr Gly Ile Val Val Ser

65 70 75 80

Ala Phe Gly Leu Pro Ile Val Phe Ala Arg Ala His Leu Ile Glu Trp

85 90 95

Gly Ala Cys Ala Leu Val Leu Thr Gly Asn Thr Val Ile Phe Ala Thr

100 105 110

Ile Leu Gly Phe Phe Leu Val Phe Gly Ser Asn Asp Asp Phe Ser Trp

115 120 125

Gln Gln Trp

130

【0057】

配列番号：3

配列の長さ：242

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：フィブロサルコーマ

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10195

配列

Met Ala Lys His Glu Gln Ile Leu Val Leu Asp Pro Pro Thr Asp Leu

1 5 10 15

Lys Phe Lys Gly Pro Phe Thr Asp Val Val Thr Thr Asn Leu Lys Leu

20 25 30

Arg Asn Pro Ser Asp Arg Lys Val Cys Phe Lys Val Lys Thr Thr Ala

35 40 45

Pro Arg Arg Tyr Cys Val Arg Pro Asn Ser Gly Ile Ile Asp Pro Gly

50 55 60

Ser Thr Val Thr Val Ser Val Met Leu Gln Pro Phe Asp Tyr Asp Pro

65 70 75 80

Asn Glu Lys Ser Lys His Lys Phe Met Val Gln Thr Ile Phe Ala Pro

85 90 95

Pro Asn Thr Ser Asp Met Glu Ala Val Trp Lys Glu Ala Lys Pro Asp

100 105 110

Glu Leu Met Asp Ser Lys Leu Arg Cys Val Phe Glu Met Pro Asn Glu

115 120 125

Asn Asp Lys Leu Asn Asp Met Glu Pro Ser Lys Ala Val Pro Leu Asn

130 135 140

Ala Ser Lys Gln Asp Gly Pro Met Pro Lys Pro His Ser Val Ser Leu

Asn Asp Thr Glu Thr Arg Lys Leu Met Glu Glu Lys Lys Arg Leu Gln

165 170 175

Gly Glu Met Met Lys Leu Ser Glu Glu Asn Arg His Leu Arg Asp Glu
 180 185 190
 Gly Leu Arg Leu Arg Lys Val Ala His Ser Asp Lys Pro Gly Ser Thr
 195 200 205
 Ser Thr Ala Ser Phe Arg Asp Asn Val Thr Ser Pro Leu Pro Ser Leu
 210 215 220
 Leu Val Val Ile Ala Ala Ile Phe Ile Gly Phe Phe Leu Gly Lys Phe
 225 230 235 240
 Ile Leu

【0058】

配列番号：4

配列の長さ：264

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10423

配列

Met Phe Val Pro Cys Gly Glu Ser Ala Pro Asp Leu Ala Gly Phe Thr
 1 5 10 15
 Leu Leu Met Pro Ala Val Ser Val Gly Asn Val Gly Gln Leu Ala Met
 20 25 30
 Asp Leu Ile Ile Ser Thr Leu Asn Met Ser Lys Ile Gly Tyr Phe Tyr
 35 40 45

Thr	Asp	Cys	Leu	Val	Pro	Met	Val	Gly	Asn	Asn	Pro	Tyr	Ala	Thr	Thr
50							55					60			
Glu	Gly	Asn	Ser	Thr	Glu	Leu	Ser	Ile	Asn	Ala	Glu	Val	Tyr	Ser	Leu
65						70				75				80	
Pro	Ser	Arg	Lys	Leu	Val	Ala	Leu	Gln	Leu	Arg	Ser	Ile	Phe	Ile	Lys
				85					90					95	
Tyr	Lys	Ser	Lys	Pro	Phe	Cys	Glu	Lys	Leu	Leu	Ser	Trp	Val	Lys	Ser
			100						105					110	
Ser	Gly	Cys	Ala	Arg	Val	Ile	Val	Leu	Ser	Ser	Ser	His	Ser	Tyr	Gln
		115						120						125	
Arg	Asn	Asp	Leu	Gln	Leu	Arg	Ser	Thr	Pro	Phe	Arg	Tyr	Leu	Leu	Thr
	130					135						140			
Pro	Ser	Met	Gln	Lys	Ser	Val	Gln	Asn	Lys	Ile	Lys	Ser	Leu	Asn	Trp
145				150						155				160	
Glu	Glu	Met	Glu	Lys	Ser	Arg	Cys	Ile	Pro	Glu	Ile	Asp	Asp	Ser	Glu
			165						170					175	
Phe	Cys	Ile	Arg	Ile	Pro	Gly	Gly	Gly	Ile	Thr	Lys	Thr	Leu	Tyr	Asp
		180							185					190	
Glu	Ser	Cys	Ser	Lys	Glu	Ile	Gln	Met	Ala	Val	Leu	Leu	Lys	Phe	Val
		195						200						205	
Ser	Glu	Gly	Asp	Asn	Ile	Pro	Asp	Ala	Leu	Gly	Leu	Val	Glu	Tyr	Leu
	210					215							220		
Asn	Glu	Trp	Leu	Gln	Ile	Leu	Lys	Pro	Leu	Ser	Asp	Asp	Pro	Thr	Val
225			230							235				240	
Ser	Ala	Ser	Arg	Trp	Lys	Ile	Pro	Ser	Ser	Trp	Arg	Leu	Leu	Phe	Gly
			245							250				255	

【0059】

配列番号 : 5

配列の長さ : 112

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : 蛋白質

ハイボセティカル : No

起源 :

生物名 : ホモ=サピエンス

細胞の種類 : 胃癌

クローン名 : HP10506

配列

Met	Gly	Ser	Arg	Leu	Ser	Gln	Pro	Phe	Glu	Ser	Tyr	Ile	Thr	Ala	Pro
1				5					10					15	
Pro	Gly	Thr	Ala	Ala	Ala	Pro	Ala	Lys	Pro	Ala	Pro	Pro	Ala	Thr	Pro
			20					25					30		
Gly	Ala	Pro	Thr	Ser	Pro	Ala	Glu	His	Arg	Leu	Leu	Lys	Thr	Cys	Trp
		35				40						45			
Ser	Cys	Arg	Val	Leu	Ser	Gly	Leu	Gly	Leu	Met	Gly	Ala	Gly	Gly	Tyr
	50					55					60				
Val	Tyr	Trp	Val	Ala	Arg	Lys	Pro	Met	Lys	Met	Gly	Tyr	Pro	Pro	Ser
	65				70				75					80	
Pro	Trp	Thr	Ile	Thr	Gln	Met	Val	Ile	Gly	Leu	Ser	Ile	Ala	Thr	Trp
			85					90					95		
Gly	Ile	Val	Val	Met	Ala	Asp	Pro	Lys	Gly	Lys	Ala	Tyr	Arg	Val	Val
		100						105					110		

【0060】

配列番号 : 6

配列の長さ : 146

配列の型 : アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP 10507

配列

Met	Leu	Ala	Gly	Ala	Gly	Arg	Pro	Gly	Leu	Pro	Gln	Gly	Arg	His	Leu
1				5					10					15	
Cys	Trp	Leu	Leu	Cys	Ala	Phe	Thr	Leu	Lys	Leu	Cys	Gln	Ala	Glu	Ala
			20					25					30		
Pro	Val	Gln	Glu	Glu	Lys	Leu	Ser	Ala	Ser	Thr	Ser	Asn	Leu	Pro	Cys
		35				40						45			
Trp	Leu	Val	Glu	Glu	Phe	Val	Val	Ala	Glu	Glu	Cys	Ser	Pro	Cys	Ser
	50					55					60				
Asn	Phe	Arg	Ala	Lys	Thr	Thr	Pro	Glu	Cys	Gly	Pro	Thr	Gly	Tyr	Val
65				70					75					80	
Glu	Lys	Ile	Thr	Cys	Ser	Ser	Ser	Lys	Arg	Asn	Glu	Phe	Lys	Ser	Cys
			85					90					95		
Arg	Ser	Ala	Leu	Met	Glu	Gln	Arg	Leu	Phe	Trp	Lys	Phe	Glu	Gly	Ala
		100						105					110		
Val	Val	Cys	Val	Ala	Leu	Ile	Phe	Ala	Cys	Leu	Val	Ile	Ile	Arg	Gln
		115				120						125			
Arg	Gln	Leu	Asp	Arg	Lys	Ala	Leu	Glu	Lys	Val	Arg	Lys	Gln	Ile	Glu
	130					135					140				

14:

【0061】

配列番号：7

配列の長さ：344

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP 10548

配列

Met Asp Phe Leu Val Leu Phe Leu Phe Tyr Leu Ala Ser Val Leu Met

1 5 10 15

Gly Leu Val Leu Ile Cys Val Cys Ser Lys Thr His Ser Leu Lys Gly

20 25 30

Leu Ala Arg Gly Gly Ala Gln Ile Phe Ser Cys Ile Ile Pro Glu Cys

35 40 45

Leu Gln Arg Ala Val His Gly Leu Leu His Tyr Leu Phe His Thr Arg

50 55 60

Asn His Thr Phe Ile Val Leu His Leu Val Leu Gln Gly Met Val Tyr

65 70 75 80

Thr Glu Tyr Thr Trp Glu Val Phe Gly Tyr Cys Gln Glu Leu Glu Leu

85 90 95

Ser Leu His Tyr Leu Leu Leu Pro Tyr Leu Leu Leu Gly Val Asn Leu

100 105 110

Phe Phe Phe Thr Leu Thr Cys Gly Thr Asn Pro Gly Ile Ile Thr Lys

115 120 125

Ala Asn Glu Leu Leu Phe Leu His Val Tyr Glu Phe Asp Glu Val Met

130 135 140

Phe Pro Lys Asn Val Arg Cys Ser Thr Cys Asp Leu Arg Lys Pro Ala
 145 150 155 160
 Arg Ser Lys His Cys Ser Val Cys Asn Trp Cys Val His Arg Phe Asp
 165 170 175
 His His Cys Val Trp Val Asn Asn Cys Ile Gly Ala Trp Asn Ile Arg
 180 185 190
 Tyr Phe Leu Ile Tyr Val Leu Thr Leu Thr Ala Ser Ala Ala Thr Val
 195 200 205
 Ala Ile Val Ser Thr Thr Phe Leu Val His Leu Val Val Met Ser Asp
 210 215 220
 Leu Tyr Gln Glu Thr Tyr Ile Asp Asp Leu Gly His Leu His Val Met
 225 230 235 240
 Asp Thr Val Phe Leu Ile Gln Tyr Leu Phe Leu Thr Phe Pro Arg Ile
 245 250 255
 Val Phe Met Leu Gly Phe Val Val Val Leu Ser Phe Leu Leu Gly Gly
 260 265 270
 Tyr Leu Leu Phe Val Leu Tyr Leu Ala Ala Thr Asn Gln Thr Thr Asn
 275 280 285
 Glu Trp Tyr Arg Gly Asp Trp Ala Trp Cys Gln Arg Cys Pro Leu Val
 290 295 300
 Ala Trp Pro Pro Ser Ala Glu Pro Gln Val His Arg Asn Ile His Ser
 305 310 315 320
 His Gly Leu Arg Ser Asn Leu Gln Glu Ile Phe Leu Pro Ala Phe Pro
 325 330 335
 Cys His Glu Arg Lys Lys Gln Glu
 340

配列番号: S

配列の長さ: 97

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP 10566

配列

Met Thr Lys Lys Lys Arg Glu Asn Leu Gly Val Ala Leu Glu Ile Asp

1 5 10 15

Gly Leu Glu Glu Lys Leu Ser Gln Cys Arg Arg Asp Leu Glu Ala Val

20 25 30

Asn Ser Arg Leu His Ser Arg Glu Leu Ser Pro Glu Ala Arg Arg Ser

35 40 45

Leu Glu Lys Glu Lys Asn Ser Leu Met Asn Lys Ala Ser Asn Tyr Glu

50 55 60

Lys Glu Leu Lys Phe Leu Arg Gln Glu Asn Arg Lys Asn Met Leu Leu

65 70 75 80

Ser Val Ala Ile Phe Ile Leu Leu Thr Leu Val Tyr Ala Tyr Trp Thr

85 90 95

Met

【0063】

配列番号：9

配列の長さ：124

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP 10567

配列

Met Ala Thr Ser Ser Met Ser Lys Gly Cys Phe Val Phe Lys Pro Asn

1 5 10 15

Ser Lys Lys Arg Lys Ile Ser Leu Pro Ile Glu Asp Tyr Phe Asn Lys

20 25 30

Gly Lys Asn Glu Pro Glu Asp Ser Lys Leu Arg Phe Glu Thr Tyr Gln

35 40 45

Leu Ile Trp Gln Gln Met Lys Ser Glu Asn Glu Arg Leu Gln Glu Glu

50 55 60

Leu Asn Lys Asn Leu Phe Asp Asn Leu Ile Glu Phe Leu Gln Lys Ser

65 70 75 80

His Ser Gly Phe Gln Lys Asn Ser Arg Asp Leu Gly Gly Gln Ile Lys

85 90 95

Leu Arg Glu Ile Pro Thr Ala Ala Leu Val Leu Gly Ile Tyr Ala Tyr

100 105 110

Val Cys Ser Cys Met His Leu Cys Val Phe Arg Phe

115 120

【0064】

配列番号：10

配列の長さ：327

配列の型：アミノ酸

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10568

配列

Met Ala Glu Leu Pro Gly Pro Phe Leu Cys Gly Ala Leu Leu Gly Phe

1 5 10 15

Leu Cys Leu Ser Gly Leu Ala Val Glu Val Lys Val Pro Thr Glu Pro

20 25 30

Leu Ser Thr Pro Leu Gly Lys Thr Ala Glu Leu Thr Cys Thr Tyr Ser

35 40 45

Thr Ser Val Gly Asp Ser Phe Ala Leu Glu Trp Ser Phe Val Gln Pro

50 55 60

Gly Lys Pro Ile Ser Glu Ser His Pro Ile Leu Tyr Phe Thr Asn Gly

65 70 75 80

His Leu Tyr Pro Thr Gly Ser Lys Ser Lys Arg Val Ser Leu Leu Gln

85 90 95

Asn Pro Pro Thr Val Gly Val Ala Thr Leu Lys Leu Thr Asp Val His

100 105 110

Pro Ser Asp Thr Gly Thr Tyr Leu Cys Gln Val Asn Asn Pro Pro Asp

115 120 125

Phe Tyr Thr Asn Gly Leu Gly Leu Ile Asn Leu Thr Val Leu Val Pro

130 135 140

Pro Ser Asn Pro Leu Cys Ser Gln Ser Gly Gln Thr Ser Val Gly Gly

145 150 155 160

Ser Thr Ala Leu Arg Cys Ser Ser Ser Glu Gly Ala Pro Lys Pro Val

165 170 175

Tyr Asn Trp Val Arg Leu Gly Thr Phe Pro Thr Pro Ser Pro Gly Ser

180 185 190

Met Val Gln Asp Glu Val Ser Gly Gln Leu Ile Leu Thr Asn Leu Ser
 195 200 205
 Leu Thr Ser Ser Gly Thr Tyr Arg Cys Val Ala Thr Asn Gln Met Gly
 210 215 220
 Ser Ala Ser Cys Glu Leu Thr Leu Ser Val Thr Glu Pro Ser Gln Gly
 225 230 235 240
 Arg Val Ala Gly Ala Leu Ile Gly Val Leu Leu Gly Val Leu Leu Leu
 245 250 255
 Ser Val Ala Ala Phe Cys Leu Val Arg Phe Gln Lys Glu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Lys Pro Lys Glu Thr Tyr Gly Gly Ser Asp Leu Arg Glu Asp Ala Ile
 275 280 285
 Ala Pro Gly Ile Ser Glu His Thr Cys Met Arg Ala Asp Ser Ser Lys
 290 295 300
 Gly Phe Leu Glu Arg Pro Ser Ser Ala Ser Thr Val Thr Thr Thr Lys
 305 310 315 320
 Ser Lys Leu Pro Met Val Val
 325

配列番号：11

配列の長さ：375

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

組織：肝臓

クローニング名：H1000000000000000

配列

ATGGCCAAGT ACCTGGCCCA GATCATTGTG ATGGGCGTGC AGGTGGTGGG CAGGGCCTTT	60
GCACGGGGCCT TCGGGCAGGA GTTTGCAGCC AGCCGGGGCCG CAGCTGATGC CCGAGGACGC	120
GCTGGACACC GGTCTGCAGC CGCTTCCAAC CTCTCCGGCC TCAGCCTCCA GGAGGCACAG	180
CAGATTCTCA ACGTGTCCAA GCTGAGCCCT GAGGAGGTCC AGAAGAACTA TGAACACTTA	240
TTTAAGGTGA ATGATAAATC CGTGGGTGGC TCCTTCTACC TGCAGTCAAA GGTGGTCCGC	300
GCAAAGGAGC GCCTGGATGA GGAAGTCAAA ATCCAGGCCC AGGAGGACAG AGAAAAAGGG	360
CAGATGCCCC ATACG	375

【0065】

配列番号：12

配列の長さ：393

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP02593

配列

ATGGCAGGCA TCAAAGCTTT GATTAGTTTG TCCTTTGGAG GAGCAATCGG ACTGATGTTT	60
TTGATGCTTG GATGTGCCCT TCCAATATAC AACAAATACT GGCCCCCTCT TGTTCATTTT	120
TTTTACATCC TTTCACCTAT TCCATACTGC ATAGCAAGAA GATTAGTGGA TGATACAGAT	180
GCTATGAGTA ACGCTTGTA GGAAGTTGCC ATCTTTCTTA CAACGGGCAT TGTCGTGTCA	240
GCTTTTGGAC TCCCTATTGT ATTTGCCAGA GCACATCTGA TTGAGTGGGG AGCTTGTGCA	300
CTTGTTCTCA CAGGAAACAC AGTCATCTTT GCAACTATAC TAGGCTTTTT CTTGGTCTTT	360
GGAAGCAATG ACGACTTCAG CTGGCAGCAG TGG	393

【0066】

配列番号：13

配列の長さ：726

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：フィブロサルコーマ

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10195

配列

ATGGCGAAGC ACGAGCAGAT CCTGGTCCTC GATCCGCCCA CAGACCTCAA ATTCAAAGGC	60
CCCTTCACAG ATGTAGTCAC TACAAATCTT AAATTGCGAA ATCCATCGGA TAGAAAAGTG	120
TGTTTCAAAG TGAAGACTAC AGCACCTCGC CGGTACTGTG TGAGGCCCAA CAGTGGAATT	180
ATTGACCCAG GGTCAACTGT GACTGTTTCA GTAATGCTAC AGCCCTTTGA CTATGATCCG	240
AATGAAAAGA GTAAACACAA GTTTATGGTA CAGACAATTT TTGCTCCACC AAACACTTCA	300
GATATGGAAG CTGTGTGGAA AGAGGCAAAA CCTGATGAAT TAATGGATTC CAAATTGAGA	360
TGCGTATTTG AAATGCCCAA TGAAAATGAT AAATTGAATG ATATGGAACC TAGCAAAGCT	420
GTTCCACTGA ATGCATCTAA GCAAGATGGA CCTATGCCAA AACCACACAG TGTTTCACTT	480
AATGATACCG AAACAAGGAA ACTAATGGAA GAGTGTAATA GACTTCAGGG AGAAATGATG	540
AAGCTATCAG AAGAAAATCG GCACCTGAGA GATGAAGGTT TAAGGCTCAG AAAGGTAGCA	600
CATTCGGATA AACCTGGATC AACCTCAACT GCATCCTTCA GAGATAATGT CACCAGTCCT	660
CTTCCTTCAC TTCTTGTTGT AATTGCAGCC ATTTTCATTG GATTCTTTCT AGGGAAATTC	720
ATCTTG	726

【0067】

配列番号：14

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10423

配列

ATGTCGTTT CCTGCGGGGA GTCGGCCCC GACCTTGCCG GCTTCACCCT CCTAATGCCA	60
GCAGTATCTG TTGGAATGT TGGCCAGCTT GCAATGGATC TGATTATTTC TACACTGAAT	120
ATGTCTAAGA TTGGTTACTT CTATACCGAT TGTCTTGTGC CAATGGTTGG AAACAATCCA	180
TATGCGACCA CAGAAGGAAA TTCAACAGAA CTTAGCATAA ATGCTGAAGT GTATTTCATTG	240
CCTTCAAGAA AGCTGGTGGC TCTACAGTTA AGATCCATTT TTATTAAGTA TAAATCAAAG	300
CCATTCTGTG AAAAAGTGT TTCCTGGGTG AAAAGCAGTG GCTGTGCCAG AGTCATTGTT	360
CTTTCGAGCA GTCATTCATA TCAGCGTAAT GATCTGCAGC TTCGTAGTAC TCCCTTCCGG	420
TACCTACTTA CACCTTCCAT GCAAAAAAGT GTTCAAAATA AAATAAAGAG CCTTAACTGG	480
GAAGAAATGG AAAAAAGCCG GTGCATTCTT GAAATAGATG ATTCCGAGTT TTGTATCCGC	540
ATTCCGGGAG GAGGTATCAC AAAAACACTC TATGATGAAA GCTGTTCTAA AGAAATCCAA	600
ATGGCAGTTC TGCTGAAATT TGTTTCAGAA GGGGACAACA TCCCAGATGC ATTAGGTCTT	660
GTTGAGTATC TTAATGAGTG GCTTCAGATA CTCAAACCAC TTAGCGATGA CCCCACAGTA	720
TCTGCCTCAC GGTGAAAAAT ACCAAGTTCT TGGAGATTAC TCTTTGGCAG TGGTCTTCCC	780
CCTGCACTTT TC	792

【0068】

配列番号：15

配列の長さ：336

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 胃癌

クローン名: HP10506

配列

```

ATGGGGTCTC GGTTGTCCCA GCCTTTTGAG TCCTATATCA CTGCGCCTCC CGGTACCGCC      60
GCCGCGCCCG CCAAACCTGC GCCCCAGCT ACACCCGGAG CGCCGACCTC CCCAGCAGAA      120
CACCGCCTGT TGAAGACCTG CTGGAGCTGT CGCGTGCTTT CTGGGTTGGG GCTGATGGGG      180
GCGGGCGGGT ACGTGTACTG GGTGGCACGG AAGCCCATGA AGATGGGATA CCCCCGAGT      240
CCATGGACCA TTACGCAGAT GGTCATCGGC CTCAGCATTG CCACCTGGGG TATCGTTGTC      300
ATGGCAGACC CCAAAGGGAA GGCCTACCGC GTTGTT                                336

```

【0069】

配列番号: 16

配列の長さ: 438

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: cDNA to mRNA

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 胃癌

クローン名: HP10507

配列

```

ATGCTTGCGG GTGCCGGGAG GCCTGGCCTC CCCCAGGGCC GCCACCTCTG CTGGTTGCTC      60
TGTGCTTTCA CCTTAAAGCT CTGCCAAGCA GAGGCTCCCG TGCAGGAAGA GAAGCTGTCA      120
GCAAGCACCT CAAATTTGCC ATGCTGGCTG GTGGAAGAGT TTGTGGTAGC AGAAGAGTGC      180
GAGAAAAACA CATGTAGT AATTAAGAGA AATGAGTTCA AAAGTTGCTG CTAGTTTTC      240
ATGGAACAAC GCTTATTTTG GAAGTTCGAA GGGGCTGTGG TGTGTGTGGC CCTGATCTTC      360

```

GCTTGTCTTG TCATCATTCG TCAGCGACAA TTGGACAGAA AGGCTCTGGA AAAGGTCCGG 420
AAGCAAATCG AGTCCATA 438

【0070】

配列番号：17

配列の長さ：1032

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10548

配列

ATGGACTTTC TGGTCCTCTT CTTGTTCTAC CTGGCTTCGG TGCTGATGGG TCTTGTCTT 60
ATCTGCGTCT GCTCGAAAAC CCATAGCTTG AAAGGCCTGG CCAGGGGAGG AGCACAGATA 120
TTTTCTGTGA TAATTCCAGA ATGCTTCAG AGAGCCGTGC ATGGATTGCT TCATTACCTT 180
TTCCATACGA GAAACCACAC CTTCAATTGTC CTGCACCTGG TCTTGCAAGG GATGGTTTAT 240
ACTGAGTACA CCTGGGAAGT ATTTGGCTAC TGTCAGGAGC TGGAGTTGTC CTTGCATTAC 300
CTTCTTCTGC CCTATCTGCT GCTAGGTGTA AACCTGTTTT TTTTCACCCT GACTTGTGGA 360
ACCAATCCTG GCATTATAAC AAAAGCAAAT GAATTATTAT TTCTTCATGT TTATGAATTT 420
GATGAAGTGA TGTTTCCAAA GAACGTGAGG TGCTCTACTT GTGATTTAAG GAAACCAGCT 480
CGATCCAAGC ACTGCAGTGT GTGTAACCTG TGTGTGCACC GTTTCGACCA TCACTGTGTT 540
TGGGTGAACA ACTGCATCGG GGCCTGGAAC ATCAGGTACT TCCTCATCTA CGTCTTGACC 600
TTGACGGCCT CGGCTGCCAC CGTCGCCATT GTGAGCACCA CTTTTCTGGT CCACTTGGTG 660
GTGATGTCAG ATTTATACCA GGAGACTTAC ATCGATGACC TTGGACACCT CCATGTTATG 720
GACACGGTCT TTCTTATTCA GTACCTGTTC CTGACTTTTC CACGGATTGT CTTCATGCTG 780
GGCTTTGTCTG TGGTTCTGAG CTTCTCCTG GGTGGCTACC TGTTGTTTGT CCTGTATCTG 840
GCGGCCACCA ACCAGACTAC TAACGAGTGG TACAGAGGTG ACTGGGCCTG GTGCCAGCGT 900

TGTCCCCTTG TGGCCTGGCC TCCGTCAGCA GAGCCCCAAG TCCACCGGAA CATTCACTCC 960
 CATGGGCTTC GGAGCAACCT TCAAGAGATC TTTCTACCTG CCTTTCCATG TCATGAGAGG 1020
 AAGAAACAAG AA 1032

【0071】

配列番号：18

配列の長さ：291

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10566

配列

ATGACTAAAA AGAAGCGGGA GAATCTGGGC GTCGCTCTAG AGATCGATGG GCTAGAGGAG 60
 AAGCTGTCCC AGTGTCGGAG AGACCTGGAG GCCGTGAACT CCAGACTCCA CAGCCGGGAG 120
 CTGAGCCCAG AGGCCAGGAG GTCCCTGGAG AAGGAGAAAA ACAGCCTAAT GAACAAAGCC 180
 TCCAAC TACG AGAAGGAACT GAAGTTTCTT CGGCAAGAGA ACCGGAAGAA CATGCTGCTC 240
 TCTGTGGCCA TCTTTATCCT CCTGACGCTC GTCTATGCCT ACTGGACCAT G 291

【0072】

配列番号：19

配列の長さ：372

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP 10567

配列

ATGGCTACGT CCTCGATGTC TAAGGGTTGC TTTGTTTTTA AGCCAACTC CAAAAAGAGA	60
AAGATCTCTC TGCCAATAGA GGACTATTTT AACAAAGGGA AAAATGAGCC TGAGGACAGT	120
AAGCTTCGAT TCGAACTTA TCAGTTGATA TGGCAGCAGA TGAAATCTGA AAATGAGCGA	180
CTACAAGAGG AATTAAATAA AACTTGTTT GACAATCTGA TTGAATTCT GCAAAAATCA	240
CATTCTGGAT TCCAGAAGAA TTCAAGAGAC TTGGGCGGTC AAATAAACT CAGAGAAATT	300
CCAACGCTG CTCTTGTTCT TGGTATATAT GCGTATGTT GTTCATGCAT GCATCTCTGT	360
GTATTCGTT TT	372

【0073】

配列番号：20

配列の長さ：981

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP 10568

配列

ATGGCCGAGC TCCCGGGGCC CTTTCTCTGC GGGGCCCTGC TAGGCTTCCT GTGCCTGAGT	60
GGGCTGGCCG TGGAGGTGAA GGTACCCACA GAGCCGCTGA GCACGCCCT GGGGAAGACA	120
GCCGAGCTGA CTGTCACCTA CAGCACGTCG GTGGGAGACA GCTTCGCCCT GGAGTGGAGC	180
TTTGTGCAGC CTGGGAAACC CATCTCTGAG TCCCATCCAA TCCTGTACTT CACCAATGGC	240
CATCTGTATC CAACTGGTTC TAAGTCAAAG CGGGTCAGCC TGCTTCAGAA CCCCCCACA	300
GTGGGGGTGG CCACACTGAA ACTGACTGAC GTCCACCCCT CAGATACTGG AACCTACCTC	360
TGCCAAGTCA ACAACCCACC AGATTTCTAC ACCAATGGGT TGGGGCTAAT CAACCTTACT	420

GTGCTGGTTC CCCCCAGTAA TCCCTTATGC AGTCAGAGTG GACAAACCTC TGTGGGAGGC 480
 TCTACTGCAC TGAGATGCAG CTCTTCCGAG GGGGCTCCTA AGCCAGTGTA CAACTGGGTG 540
 CGTCTTGGA CTTTTCTAC ACCTTCTCCT GGCAGCATGG TTCAAGATGA GGTGTCTGGC 600
 CAGCTCATT TCACCAACCT CTCCTGACC TCCTCGGGCA CCTACCGCTG TGTGGCCACC 660
 AACCAGATGG GCAGTGCATC CTGTGAGCTG ACCCTCTCTG TGACCGAACC CTCCCAAGGC 720
 CGAGTGGCCG GAGCTCTGAT TGGGGTGCTC CTGGGCGTGC TGTGCTGTC AGTTGCTGCC 780
 TTCTGCCTGG TCAGGTTCCA GAAAGAGAGG GGAAGAAGC CCAAGGAGAC ATATGGGGGT 840
 AGTGACCTTC GGGAGGATGC CATCGCTCCT GGGATCTCTG AGCACAATTG TATGAGGGCT 900
 GATTCTAGCA AGGGGTTCCT GGAAAGACCC TCGTCTGCCA GCACCGTGAC GACCACCAAG 960
 TCCAAGCTCC CTATGGTCGT G 981

配列番号 : 21

配列の長さ : 510

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA to mRNA

起源 :

生物名 : ホモ=サピエンス

細胞の種類 : 胃癌

クローン名 : HP01550

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : CDS

存在位置 : 66...443

特徴を決定した方法 : E

配列

ACGCTTGATC CCCGGCCGCG GGGCCAGGAA GTCGGAGTTT GAGCCCCGGA GGCAGAGCGG 60

Met Ala Lys Tyr Leu Ala Gln Ile Ile Val Met Gly Val Gln Val

1

5

10

15

GTG GGC AGG GCC TTT GCA CGG GCC TTG CGG CAG GAG TTT GCA GCC AGC	158
Val Gly Arg Ala Phe Ala Arg Ala Leu Arg Gln Glu Phe Ala Ala Ser	
20 25 30	
CGG GCC GCA GCT GAT GCC CGA GGA CGC GCT GGA CAC CGG TCT GCA GCC	206
Arg Ala Ala Ala Asp Ala Arg Gly Arg Ala Gly His Arg Ser Ala Ala	
35 40 45	
GCT TCC AAC CTC TCC GGC CTC AGC CTC CAG GAG GCA CAG CAG ATT CTC	254
Ala Ser Asn Leu Ser Gly Leu Ser Leu Gln Glu Ala Gln Gln Ile Leu	
50 55 60	
AAC GTG TCC AAG CTG AGC CCT GAG GAG GTC CAG AAG AAC TAT GAA CAC	302
Asn Val Ser Lys Leu Ser Pro Glu Glu Val Gln Lys Asn Tyr Glu His	
65 70 75	
TTA TTT AAG GTG AAT GAT AAA TCC GTG GGT GGC TCC TTC TAC CTG CAG	350
Leu Phe Lys Val Asn Asp Lys Ser Val Gly Gly Ser Phe Tyr Leu Gln	
80 85 90 95	
TCA AAG GTG GTC CGC GCA AAG GAG CGC CTG GAT GAG GAA CTC AAA ATC	398
Ser Lys Val Val Arg Ala Lys Glu Arg Leu Asp Glu Glu Leu Lys Ile	
100 105 110	
CAG GCC CAG GAG GAC AGA GAA AAA GGG CAG ATG CCC CAT ACG TGACTGCTC	450
Gln Ala Gln Glu Asp Arg Glu Lys Gly Gln Met Pro His Thr	
115 120 125	
GCTCCCCCG CCCACCCGC CGCCTCTAAT TTATAGCTTG GTAATAAATT TCTTTTCTGC	510

【0074】

配列番号：22

配列の長さ：697

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン : S a o s - 2

クローン名：HP02593

配列の特徴：

特徴を表す記号：C D S

存在位置：1 0 4 . . 4 9 9

特徴を決定した方法：E

配列

ACTTCCGGGT GTTGTCTGGC CGCCGTAGCG CGTCTTGGGT CTCCCGGCTG CCGCTGCTGC 60
CGCCGCCGCC TCGGGTCGTG GAGCCAGGAG CGACGTCACC GCC ATG GCA GGC ATC 115
Met Ala Gly Ile

1

AAA GCT TTG ATT AGT TTG TCC TTT GGA GGA GCA ATC GGA CTG ATG TTT 163
Lys Ala Leu Ile Ser Leu Ser Phe Gly Gly Ala Ile Gly Leu Met Phe
5 10 15 20

TTG ATG CTT GGA TGT GCC CTT CCA ATA TAC AAC AAA TAC TGG CCC CTC 211
Leu Met Leu Gly Cys Ala Leu Pro Ile Tyr Asn Lys Tyr Trp Pro Leu
25 30 35

TTT GTT CTA TTT TTT TAC ATC CTT TCA CCT ATT CCA TAC TGC ATA GCA 259
Phe Val Leu Phe Phe Tyr Ile Leu Ser Pro Ile Pro Tyr Cys Ile Ala
40 45 50

AGA AGA TTA GTG GAT GAT ACA GAT GCT ATG AGT AAC GCT TGT AAG GAA 307
Arg Arg Leu Val Asp Asp Thr Asp Ala Met Ser Asn Ala Cys Lys Glu
55 60 65

Leu Ala Ile Ile Ile Leu Thr Thr Gly Ile Val Val Ser Ala Ile Gly Leu
70 75 80

配列の長さ : 1 6 1 9

鎖の数： 二本鎖

起源：

細胞の種類：フィブロサルコーマ

クローン名：HP10195

記列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：2 8 7. . 1 0 1 5

特徴を決定した方法：E

配列

GCAGAGGCCG TCACGTGGGT CGCCGAGGCT CGCAAGTGCG CGTGGCCGTG GCGGCTGGTG	60
TGGGGTTGAG TCAGTTGTGG GACCCGGAGC TGCTGACCCA GCGGGTGGCC CACCGAACCG	120
GTGACACAGC GGCAGGCGTT AGGGCTCGGG AGCCGCGAGC CTGGCCTCGT CCTAGAGCTC	180
GGCCGAGCCG TCGCCGCCGT CGTCCCCCGC CCCCAGTCAG CAAACCGCCG CCGCGGGCGC	240
GCCCCCGCTC TGCCTGTCT CTCCGATGGC GTCCGCCTCA GGGGCC ATG GCG AAG	295

Met Ala Lys

1

CAC GAG CAG ATC CTG GTC CTC GAT CCG CCC ACA GAC CTC AAA TTC AAA	343
His Glu Gln Ile Leu Val Leu Asp Pro Pro Thr Asp Leu Lys Phe Lys	

5

10

15

GGC CCC TTC ACA GAT GTA GTC ACT ACA AAT CTT AAA TTG CGA AAT CCA	391
Gly Pro Phe Thr Asp Val Val Thr Thr Asn Leu Lys Leu Arg Asn Pro	

20

25

30

35

TCG GAT AGA AAA GTG TGT TTC AAA GTG AAG ACT ACA GCA CCT CGC CGG	439
Ser Asp Arg Lys Val Cys Phe Lys Val Lys Thr Thr Ala Pro Arg Arg	

40

45

50

TAC TGT GTG AGG CCC AAC AGT GGA ATT ATT GAC CCA GGG TCA ACT GTG	487
Tyr Cys Val Arg Pro Asn Ser Gly Ile Ile Asp Pro Gly Ser Thr Val	

55

60

65

ACT GTT TCA GTA ATG CTA CAG CCC TTT GAC TAT GAT CCG AAT GAA AAG	535
Thr Val Ser Val Met Leu Gln Pro Phe Asp Tyr Asp Pro Asn Glu Lys	

70

75

80

AGT AAA CAC AAG TTT ATG GTA CAG ACA ATT TTT GCT CCA CCA AAC ACT	583
Ser Lys His Lys Phe Met Val Gln Thr Ile Phe Ala Pro Pro Asn Thr	

85

90

95

Ser Asp Met Glu Ala Val Trp Lys Glu Ala Lys Pro Asp Glu Leu Met

100

105

110

115

GAT TCC AAA TTG AGA TGC GTA TTT GAA ATG CCC AAT GAA AAT GAT AAA	679
Asp Ser Lys Leu Arg Cys Val Phe Glu Met Pro Asn Glu Asn Asp Lys	
120 125 130	
TTG AAT GAT ATG GAA CCT AGC AAA GCT GTT CCA CTG AAT GCA TCT AAG	727
Leu Asn Asp Met Glu Pro Ser Lys Ala Val Pro Leu Asn Ala Ser Lys	
135 140 145	
CAA GAT GGA CCT ATG CCA AAA CCA CAC AGT GTT TCA CTT AAT GAT ACC	775
Gln Asp Gly Pro Met Pro Lys Pro His Ser Val Ser Leu Asn Asp Thr	
150 155 160	
GAA ACA AGG AAA CTA ATG GAA GAG TGT AAA AGA CTT CAG GGA GAA ATG	823
Glu Thr Arg Lys Leu Met Glu Glu Cys Lys Arg Leu Gln Gly Glu Met	
165 170 175	
ATG AAG CTA TCA GAA GAA AAT CGG CAC CTG AGA GAT GAA GGT TTA AGG	871
Met Lys Leu Ser Glu Glu Asn Arg His Leu Arg Asp Glu Gly Leu Arg	
180 185 190 195	
CTC AGA AAG GTA GCA CAT TCG GAT AAA CCT GGA TCA ACC TCA ACT GCA	919
Leu Arg Lys Val Ala His Ser Asp Lys Pro Gly Ser Thr Ser Thr Ala	
200 205 210	
TCC TTC AGA GAT AAT GTC ACC AGT CCT CTT CCT TCA CTT CTT GTT GTA	967
Ser Phe Arg Asp Asn Val Thr Ser Pro Leu Pro Ser Leu Leu Val Val	
215 220 225	
ATT GCA GCC ATT TTC ATT GGA TTC TTT CTA GGG AAA TTC ATC TTG	1012
Ile Ala Ala Ile Phe Ile Gly Phe Phe Leu Gly Lys Phe Ile Leu	
230 235 240	
TAGAGTGAAG CATGCAGAGT GCTGTTTCTT TTTTTTTTTT TTCTCTTGAC CAGAAAAA	1070
GATTGTGTTTA CCTACCATTT CATTGGTAGT ATGGCCACG GTGACCATTT TTTTGTGTGT	1130
ACAGCGTCAT ATAGGCTTTG CCTTTAATGA TCTCTTACGG TTAGAAAACA CAATAAAAAC	1190
AAACTGTTTCG GCTACTGGAC AGGTTGTATA TTACCAGATC ATCACTAGCA GATGTCAGTT	1250
GCACATTGAG TCCTTTATGA AATTCATAAA TAAAGAATTG TTCTTTCTTT GTGGTTTAA	1310

TAAGAGTTCA AGAATTGTTT AGAGTCTTGT AAATGTTATT TTAATAATCC CTTTAAATTT 1370
 TATCTGTTGC TGTTACCTCT TGAAATATGA TTTATTTAGA TTGCTAATCC CACTCATTCA 1430
 GGAAATGCCA AGAGGTATTC CTGGGGGAAA TGGTGCCTCT TACAGTGTA AATTTTCCTC 1490
 CTTTACCTTT GCTAATATCA TGGCAGAATT TTTCTTATCC CTTGTGAGGC AGTTGTTGAC 1550
 TGAGTTTTTC ATCCTTACAA TCCTGTCCCA TGGTATTTAA CATAAAAAAA AATAAAACTG 1610
 TTAACAGAT 1619

【0076】

配列番号：24

配列の長さ：1066

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10423

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：65..859

特徴を決定した方法：E

配列

CTTCTTGCTG CCCTCGTTCT TGCCGGGGCC GCGGTTAGTC CCTGCTGGCC ACCCCACTGC 60
 GACC ATG TTC GTT CCC TGC GGG GAG TCG GCC CCC GAC CTT GCC GGC TTC 109
 Met Phe Val Pro Cys Gly Glu Ser Ala Pro Asp Leu Ala Gly Phe

Asn Thr Leu Leu Met Pro Ala Val Ser Val Gly Asn Val Gly Gln Leu Ala
 Thr Leu Leu Met Pro Ala Val Ser Val Gly Asn Val Gly Gln Leu Ala

20	25	30	
ATG GAT CTG ATT ATT TCT ACA CTG AAT ATG TCT AAG ATT GGT TAC TTC			205
Met Asp Leu Ile Ile Ser Thr Leu Asn Met Ser Lys Ile Gly Tyr Phe			
35	40	45	
TAT ACC GAT TGT CTT GTG CCA ATG GTT GGA AAC AAT CCA TAT GCG ACC			253
Tyr Thr Asp Cys Leu Val Pro Met Val Gly Asn Asn Pro Tyr Ala Thr			
50	55	60	
ACA GAA GGA AAT TCA ACA GAA CTT AGC ATA AAT GCT GAA GTG TAT TCA			301
Thr Glu Gly Asn Ser Thr Glu Leu Ser Ile Asn Ala Glu Val Tyr Ser			
65	70	75	
TTG CCT TCA AGA AAG CTG GTG GCT CTA CAG TTA AGA TCC ATT TTT ATT			349
Leu Pro Ser Arg Lys Leu Val Ala Leu Gln Leu Arg Ser Ile Phe Ile			
80	85	90	95
AAG TAT AAA TCA AAG CCA TTC TGT GAA AAA CTG CTT TCC TGG GTG AAA			397
Lys Tyr Lys Ser Lys Pro Phe Cys Glu Lys Leu Leu Ser Trp Val Lys			
100	105	110	
AGC AGT GGC TGT GCC AGA GTC ATT GTT CTT TCG AGC AGT CAT TCA TAT			445
Ser Ser Gly Cys Ala Arg Val Ile Val Leu Ser Ser Ser His Ser Tyr			
115	120	125	
CAG CGT AAT GAT CTG CAG CTT CGT AGT ACT CCC TTC CGG TAC CTA CTT			493
Gln Arg Asn Asp Leu Gln Leu Arg Ser Thr Pro Phe Arg Tyr Leu Leu			
130	135	140	
ACA CCT TCC ATG CAA AAA AGT GTT CAA AAT AAA ATA AAG AGC CTT AAC			541
Thr Pro Ser Met Gln Lys Ser Val Gln Asn Lys Ile Lys Ser Leu Asn			
145	150	155	
TGG GAA GAA ATG GAA AAA AGC CGG TGC ATT CCT GAA ATA GAT GAT TCC			589
Trp Glu Glu Met Glu Lys Ser Arg Cys Ile Pro Glu Ile Asp Asp Ser			
160	165	170	175
GAG TTT TGT ATC CGC ATT CCG GGA GGA GGT ATC ACA AAA ACA CTC TAT			637

Glu Phe Cys Ile Arg Ile Pro Gly Gly Gly Ile Thr Lys Thr Leu Tyr	
180 185 190	
GAT GAA AGC TGT TCT AAA GAA ATC CAA ATG GCA GTT CTG CTG AAA TTT	685
Asp Glu Ser Cys Ser Lys Glu Ile Gln Met Ala Val Leu Leu Lys Phe	
195 200 205	
GTT TCA GAA GGG GAC AAC ATC CCA GAT GCA TTA GGT CTT GTT GAG TAT	733
Val Ser Glu Gly Asp Asn Ile Pro Asp Ala Leu Gly Leu Val Glu Tyr	
210 215 220	
CTT AAT GAG TGG CTT CAG ATA CTC AAA CCA CTT AGC GAT GAC CCC ACA	781
Leu Asn Glu Trp Leu Gln Ile Leu Lys Pro Leu Ser Asp Asp Pro Thr	
225 230 235	
GTA TCT GCC TCA CGG TGG AAA ATA CCA AGT TCT TGG AGA TTA CTC TTT	829
Val Ser Ala Ser Arg Trp Lys Ile Pro Ser Ser Trp Arg Leu Leu Phe	
240 245 250 255	
GGC AGT GGT CTT CCC CCT GCA CTT TTC TGATCTAATT TCTGTTTTAT ACCT	880
Gly Ser Gly Leu Pro Pro Ala Leu Phe	
260	
TATACCCAAA ACACTTACTA CCAACACAGC TGTAAACAT TCTATACAAA AAAATTGTAT	940
GATCTGGTAT TAGGAAATTA CTTTCACAGT AAATATCAAAA GAAAAAAGAT TAAGGGTCTC	1000
TTTGCCATGC TTTTCATCAT ATGCACCAAAA TGTAATTTTT GTACAATAAA ATTTTATTTC	1060
CTAAGT	1066

【0077】

配列番号：25

配列の長さ：618

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

配列の種類：DNA（部分塩基配列）

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP 10506

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：54...392

特徴を決定した方法：E

配列

GTTTACGCCA GTTTGAACCA AAGACGCCCA AGGTTGAGGC CGAGTTCCAG AGC ATG	56
Met	
1	
GGG TCT CGG TTG TCC CAG CCT TTT GAG TCC TAT ATC ACT GCG CCT CCC	104
Gly Ser Arg Leu Ser Gln Pro Phe Glu Ser Tyr Ile Thr Ala Pro Pro	
5 10 15	
GGT ACC GCC GCC GCG CCC GCC AAA CCT GCG CCC CCA GCT ACA CCC GGA	152
Gly Thr Ala Ala Ala Pro Ala Lys Pro Ala Pro Pro Ala Thr Pro Gly	
20 25 30	
GCG CCG ACC TCC CCA GCA GAA CAC CGC CTG TTG AAG ACC TGC TGG AGC	200
Ala Pro Thr Ser Pro Ala Glu His Arg Leu Leu Lys Thr Cys Trp Ser	
35 40 45	
TGT CGC GTG CTT TCT GGG TTG GGG CTG ATG GGG GCG GGC GGG TAC GTG	248
Cys Arg Val Leu Ser Gly Leu Gly Leu Met Gly Ala Gly Gly Tyr Val	
50 55 60 65	
TAC TGG GTG GCA CGG AAG CCC ATG AAG ATG GGA TAC CCC CCG AGT CCA	296
Tyr Trp Val Ala Arg Lys Pro Met Lys Met Gly Tyr Pro Pro Ser Pro	
70 75 80	
TGG ACC ATT ACG CAG ATG GTC ATC GGC CTC AGC ATT GCC ACC TGG GGT	344
Trp Thr Ile Thr Gln Met Val Ile Gly Leu Ser Ile Ala Thr Trp Gly	
85 90 95	

ATC GTT GTC ATG GCA GAC CCC AAA GGG AAG GCC TAC CGC GTT GTT T 390
Ile Val Val Met Ala Asp Pro Lys Gly Lys Ala Tyr Arg Val Val

100

105

110

GAAAGTACCA CCAGTGAATC TGTCTTCTGT CTCTGTCCCT TTCCCCGTGA CACACACAGC 450
AGGCATGGAA TTTAATGGGT GTTCTGGACA GACACTTGTA CATGGACAGA CATCACTACT 510
GTGGATACTA CAAGACTGAG AAGAAAATCG TATGTTGTCA TTCTCTGGCT ATGGAGTGTT 570
TGTGGCCTTC ACAGATTTC AAGGAACCAA TAAATCCCTC AGAGAAGT 618

【0078】

配列番号：26

配列の長さ：1021

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10507

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：413...853

特徴を決定した方法：E

配列

AAGACTATAA GCCCCAGCGG GCGACGACCG AACGCCCCCG GGAACACCGG GCCCCGAGCT 60
CGGTCCCGCG CCCGAGGATC CTCCACGGGG CTAGATGGCT GCGTCGGGGG CGGGAGCGGA 120
GGTGAGCGGG CGCTAGGGCC GCGAGCCCCC GCCGGCCCTT CCTCCAGCGC CCTGCGGACC 180

ATGGGAGCGT TCGATAGA TCTGTGTC AATAGGAA TGGGCTT TCGGCTTAA 240
CCTGGAACCT CTGGGAGGGC TGCAGAGTAA GTGCCGCCTC TGGGCTCCGA CGGAGGCACG 360

AGGCCTGTGG AGTAGGTCCC TCTGTTCCGA CAGGTGCGAC ACTTGGCGCT CC ATG CTT	418
Met Leu	
1	
GCG GGT GCC GGG AGG CCT GGC CTC CCC CAG GGC CGC CAC CTC TGC TGG	466
Ala Gly Ala Gly Arg Pro Gly Leu Pro Gln Gly Arg His Leu Cys Trp	
5 10 15	
TTG CTC TGT GCT TTC ACC TTA AAG CTC TGC CAA GCA GAG GCT CCC GTG	514
Leu Leu Cys Ala Phe Thr Leu Lys Leu Cys Gln Ala Glu Ala Pro Val	
20 25 30	
CAG GAA GAG AAG CTG TCA GCA AGC ACC TCA AAT TTG CCA TGC TGG CTG	562
Gln Glu Glu Lys Leu Ser Ala Ser Thr Ser Asn Leu Pro Cys Trp Leu	
35 40 45 50	
GTG GAA GAG TTT GTG GTA GCA GAA GAG TGC TCT CCA TGC TCT AAT TTC	610
Val Glu Glu Phe Val Val Ala Glu Glu Cys Ser Pro Cys Ser Asn Phe	
55 60 65	
CGG GCT AAA ACT ACC CCT GAG TGT GGT CCC ACA GGA TAT GTA GAG AAA	658
Arg Ala Lys Thr Thr Pro Glu Cys Gly Pro Thr Gly Tyr Val Glu Lys	
70 75 80	
ATC ACA TGC AGC TCA TCT AAG AGA AAT GAG TTC AAA AGC TGC CGC TCA	706
Ile Thr Cys Ser Ser Ser Lys Arg Asn Glu Phe Lys Ser Cys Arg Ser	
85 90 95	
GCT TTG ATG GAA CAA CGC TTA TTT TGG AAG TTC GAA GGG GCT GTC GTG	754
Ala Leu Met Glu Gln Arg Leu Phe Trp Lys Phe Glu Gly Ala Val Val	
100 105 110	
TGT GTG GCC CTG ATC TTC GCT TGT CTT GTC ATC ATT CGT CAG CGA CAA	802
Cys Val Ala Leu Ile Phe Ala Cys Leu Val Ile Ile Arg Gln Arg Gln	
115 120 125 130	
TTG GAC AGA AAG GCT CTG GAA AAG GTC CGG AAG CAA ATC GAG TCC ATA	850
Leu Asp Arg Lys Ala Leu Glu Lys Val Arg Lys Gln Ile Glu Ser Ile	

135

140

145

TAGCTACATT CCACCCTTGT ATCCTGGGTC TTAGAGACCC TATCTCAGAC AGTGAAAGTG 910
 AAATGGACTG ATTTGCACTC TTGGTTCTTT GGAGCCTTGT GGTGGAATCC CCTTTTCCCC 970
 ATCTTCTTCT TTCAGATCAT TAATGAGCAG AATAAAAAGA GTAAAATGGT T 1021

【0079】

配列番号：27

配列の長さ：1432

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10548

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：331..1365

特徴を決定した方法：E

配列

ATCGCGCCCG GGAGGCGCCG GAGCCCAGCG GCTGGCGGGC CGCCGTCCCA CCCCCACCTC 60
 GCCCGAGTCC GGGGCGGCC CGGTGTCCCC TCCGAGCCTG CTGCACTCCA CGTCCCCCTA 120
 CCAGGGCTCC AGCCCCAGG GAAATCTCCG ACCAGGCCCG CCCAGGAGCC AGATCCAGGC 180
 TCCTGGAAGA ACCATGTCCG GCAGCTACTG GTCATGCCAG GCACACACTG CTGCCCAAGA 240
 GGAGCTGCTG TTTGAATTAT CTGTGAATGT TGGGAAGAGG AATGCCAGAG CTGCCGGCTG 300
 AAAATTACCC AACCAAGAGA AATCTGCAGG ATG GAC TTT CTG GTC CTC TTC TTG 354

TTC TAC CTG GCT TCG GTG CTG ATG GGT CTT GTT CTT ATC TGC GTC TGC 402

Phe Tyr Leu Ala Ser Val Leu Met Gly Leu Val Leu Ile Cys Val Cys	
10 15 20	
TCG AAA ACC CAT AGC TTG AAA GGC CTG GCC AGG GGA GGA GCA CAG ATA	450
Ser Lys Thr His Ser Leu Lys Gly Leu Ala Arg Gly Gly Ala Gln Ile	
25 30 35 40	
TTT TCC TGT ATA ATT CCA GAA TGT CTT CAG AGA GCC GTG CAT GGA TTG	498
Phe Ser Cys Ile Ile Pro Glu Cys Leu Gln Arg Ala Val His Gly Leu	
45 50 55	
CTT CAT TAC CTT TTC CAT ACG AGA AAC CAC ACC TTC ATT GTC CTG CAC	546
Leu His Tyr Leu Phe His Thr Arg Asn His Thr Phe Ile Val Leu His	
60 65 70	
CTG GTC TTG CAA GGG ATG GTT TAT ACT GAG TAC ACC TGG GAA GTA TTT	594
Leu Val Leu Gln Gly Met Val Tyr Thr Glu Tyr Thr Trp Glu Val Phe	
75 80 85	
GGC TAC TGT CAG GAG CTG GAG TTG TCC TTG CAT TAC CTT CTT CTG CCC	642
Gly Tyr Cys Gln Glu Leu Glu Leu Ser Leu His Tyr Leu Leu Leu Pro	
90 95 100	
TAT CTG CTG CTA GGT GTA AAC CTG TTT TTT TTC ACC CTG ACT TGT GGA	690
Tyr Leu Leu Leu Gly Val Asn Leu Phe Phe Phe Thr Leu Thr Cys Gly	
105 110 115 120	
ACC AAT CCT GGC ATT ATA ACA AAA GCA AAT GAA TTA TTA TTT CTT CAT	738
Thr Asn Pro Gly Ile Ile Thr Lys Ala Asn Glu Leu Leu Phe Leu His	
125 130 135	
GTT TAT GAA TTT GAT GAA GTG ATG TTT CCA AAG AAC GTG AGG TGC TCT	786
Val Tyr Glu Phe Asp Glu Val Met Phe Pro Lys Asn Val Arg Cys Ser	
140 145 150	
ACT TGT GAT TTA AGG AAA CCA GCT CGA TCC AAG CAC TGC AGT GTG TGT	834
Thr Cys Asp Leu Arg Lys Pro Ala Arg Ser Lys His Cys Ser Val Cys	
155 160 165	

AAC TGG TGT GTG CAC CGT TTC GAC CAT CAC TGT GTT TGG GTG AAC AAC	882
Asn Trp Cys Val His Arg Phe Asp His His Cys Val Trp Val Asn Asn	
170 175 180	
TGC ATC GGG GCC TGG AAC ATC AGG TAC TTC CTC ATC TAC GTC TTG ACC	930
Cys Ile Gly Ala Trp Asn Ile Arg Tyr Phe Leu Ile Tyr Val Leu Thr	
185 190 195 200	
TTG ACG GCC TCG GCT GCC ACC GTC GCC ATT GTG AGC ACC ACT TTT CTG	978
Leu Thr Ala Ser Ala Ala Thr Val Ala Ile Val Ser Thr Thr Phe Leu	
205 210 215	
GTC CAC TTG GTG GTG ATG TCA GAT TTA TAC CAG GAG ACT TAC ATC GAT	1026
Val His Leu Val Val Met Ser Asp Leu Tyr Gln Glu Thr Tyr Ile Asp	
220 225 230	
GAC CTT GGA CAC CTC CAT GTT ATG GAC ACG GTC TTT CTT ATT CAG TAC	1074
Asp Leu Gly His Leu His Val Met Asp Thr Val Phe Leu Ile Gln Tyr	
235 240 245	
CTG TTC CTG ACT TTT CCA CGG ATT GTC TTC ATG CTG GGC TTT GTC GTG	1122
Leu Phe Leu Thr Phe Pro Arg Ile Val Phe Met Leu Gly Phe Val Val	
250 255 260	
GTT CTG AGC TTC CTC CTG GGT GGC TAC CTG TTG TTT GTC CTG TAT CTG	1170
Val Leu Ser Phe Leu Leu Gly Gly Tyr Leu Leu Phe Val Leu Tyr Leu	
265 270 275 280	
GCG GCC ACC AAC CAG ACT ACT AAC GAG TGG TAC AGA GGT GAC TGG GCC	1218
Ala Ala Thr Asn Gln Thr Thr Asn Glu Trp Tyr Arg Gly Asp Trp Ala	
285 290 295	
TGG TGC CAG CGT TGT CCC CTT GTG GCC TGG CCT CCG TCA GCA GAG CCC	1266
Trp Cys Gln Arg Cys Pro Leu Val Ala Trp Pro Pro Ser Ala Glu Pro	
300 305 310 315 320 325 330 335 340 345 350	
AA GGT A GCG AA ATT CA A GCG T GCG AG AA T AA	
Gln Val His Arg Asn Ile His Ser His Gly Leu Arg Ser Asn Leu Gln	

315	320	325	
GAG ATC TTT CTA CCT GCC TTT CCA TGT CAT GAG AGG AAG AAA CAA GAA			1362
Glu Ile Phe Leu Pro Ala Phe Pro Cys His Glu Arg Lys Lys Gln Glu			

330	335	340	
TGACAAGTGT ATGACTGCCT TTGAGCTGTA GTTCCCGTTT ATTTACACAT GTGGATCC			1420
TCGTTTTCCA AG			1432

【0080】

配列番号：28

配列の長さ：601

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10566

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：62...355

特徴を決定した方法：E

配列

ATGCGCACAT AGCGACTTGG TGGGCGCGTC CAGTGATGAC TGGGGGATCC CGGCAAGTAA	60
C ATG ACT AAA AAG AAG CGG GAG AAT CTG GGC GTC GCT CTA GAG ATC GAT	109
Met Thr Lys Lys Lys Arg Glu Asn Leu Gly Val Ala Leu Glu Ile Asp	
1 5 10 15	
GGG CTA GAG GAG AAG CTG TCC CAG TGT CGG AGA GAC CTG GAG GCC GTG	157
Gly Leu Glu Glu Lys Leu Ser Gln Cys Arg Arg Asp Leu Glu Ala Val	
20 25 30	

AAC TCC AGA CTC CAC AGC CGG GAG CTG AGC CCA GAG GCC AGG AGG TCC	205
Asn Ser Arg Leu His Ser Arg Glu Leu Ser Pro Glu Ala Arg Arg Ser	
35 40 45	
CTG GAG AAG GAG AAA AAC AGC CTA ATG AAC AAA GCC TCC AAC TAC GAG	253
Leu Glu Lys Glu Lys Asn Ser Leu Met Asn Lys Ala Ser Asn Tyr Glu	
50 55 60	
AAG GAA CTG AAG TTT CTT CGG CAA GAG AAC CGG AAG AAC ATG CTG CTC	301
Lys Glu Leu Lys Phe Leu Arg Gln Glu Asn Arg Lys Asn Met Leu Leu	
65 70 75 80	
TCT GTG GCC ATC TTT ATC CTC CTG ACG CTC GTC TAT GCC TAC TGG ACC	349
Ser Val Ala Ile Phe Ile Leu Leu Thr Leu Val Tyr Ala Tyr Trp Thr	
85 90 95	
ATG TGAGCCTGGC ACTTCCCCAC AACCAGCACA GGCTTCCACT TGGCCCCT	400
Met	
TGATCAGGAT CAAGCAGGCA CTTCAAGCCT CAATAGGACC AAGGTGCTGG GGTGTTCCCC	460
TCCCAACCTA GTGTTCAAGC ATGGCTTCCT GGCGGCCAG GCCTTGCCCTC CCTGGCCTGC	520
TGGGGGGTTC CGGGTCTCCA GAAGGACATG GTGCTGGTCC CTCCCTTAGC CCAAGGGAGA	580
GGCAATAAAG ACACAAAGCT G	601

【0081】

配列番号：29

配列の長さ：585

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

品

生物名：ヒモ・サビヨシ

細胞の種類：胃癌

クローン名: HP10567

配列の特徴:

特徴を表す記号: CDS

存在位置: 78...452

特徴を決定した方法: E

配列

ACTAACCTCT GCCCTGCAGC CGCGAGGGCG CGCGGGAAAT CCCGAGTGCA TCTGGAATAC	60
GCAGAGTCAG TAAGACC ATG GCT ACG TCC TCG ATG TCT AAG GGT TGC TTT	110
Met Ala Thr Ser Ser Met Ser Lys Gly Cys Phe	
1 5 10	
GTT TTT AAG CCA AAC TCC AAA AAG AGA AAG ATC TCT CTG CCA ATA GAG	158
Val Phe Lys Pro Asn Ser Lys Lys Arg Lys Ile Ser Leu Pro Ile Glu	
15 20 25	
GAC TAT TTT AAC AAA GGG AAA AAT GAG CCT GAG GAC AGT AAG CTT CGA	206
Asp Tyr Phe Asn Lys Gly Lys Asn Glu Pro Glu Asp Ser Lys Leu Arg	
30 35 40	
TTC GAA ACT TAT CAG TTG ATA TGG CAG CAG ATG AAA TCT GAA AAT GAG	254
Phe Glu Thr Tyr Gln Leu Ile Trp Gln Gln Met Lys Ser Glu Asn Glu	
45 50 55	
CGA CTA CAA GAG GAA TTA AAT AAA AAC TTG TTT GAC AAT CTG ATT GAA	302
Arg Leu Gln Glu Glu Leu Asn Lys Asn Leu Phe Asp Asn Leu Ile Glu	
60 65 70 75	
TTT CTG CAA AAA TCA CAT TCT GGA TTC CAG AAG AAT TCA AGA GAC TTG	350
Phe Leu Gln Lys Ser His Ser Gly Phe Gln Lys Asn Ser Arg Asp Leu	
80 85 90	
GGC GGT CAA ATA AAA CTC AGA GAA ATT CCA ACT GCT GCT CTT GTT CTT	398
Gly Gly Gln Ile Lys Leu Arg Glu Ile Pro Thr Ala Ala Leu Val Leu	
95 100 105	
GGT ATA TAT GCG TAT GTT TGT TCA TGC ATG CAT CTC TGT GTA TTT CGT	446

Gly Ile Tyr Ala Tyr Val Cys Ser Cys Met His Leu Cys Val Phe Arg

110

115

120

TTT TAAATTTTTT TTTATTGTTG AGAATAGTGG AAGGACCTGT TTTGATGAGC C

500

Phe

TATTTTGTCT CTCTTATTTG TACAATTAAA CCAACTATAG TTTATATTAC ATATTTTCAA

560

AAACCAATAA AAATTCCTTA TCTTT

585

【0082】

配列番号：30

配列の長さ：1100

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10568

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：57..1040

特徴を決定した方法：E

配列

AGACCGACCT TGACCGCCCA CCTGGCAGGA GCAGGACAGG ACGGCCGGAC GCGGCC ATG

59

Met

1

Ala Ala Leu Pro Gly Pro Leu Cys Gly Ala Leu Leu Gly Phe Leu

5

10

15

TGC CTG AGT GGG CTG GCC GTG GAG GTG AAG GTA CCC ACA GAG CCG CTG	155
Cys Leu Ser Gly Leu Ala Val Glu Val Lys Val Pro Thr Glu Pro Leu	
20 25 30	
AGC ACG CCC CTG GGG AAG ACA GCC GAG CTG ACC TGC ACC TAC AGC ACG	203
Ser Thr Pro Leu Gly Lys Thr Ala Glu Leu Thr Cys Thr Tyr Ser Thr	
35 40 45	
TCG GTG GGA GAC AGC TTC GCC CTG GAG TGG AGC TTT GTG CAG CCT GGG	251
Ser Val Gly Asp Ser Phe Ala Leu Glu Trp Ser Phe Val Gln Pro Gly	
50 55 60 65	
AAA CCC ATC TCT GAG TCC CAT CCA ATC CTG TAC TTC ACC AAT GGC CAT	299
Lys Pro Ile Ser Glu Ser His Pro Ile Leu Tyr Phe Thr Asn Gly His	
70 75 80	
CTG TAT CCA ACT GGT TCT AAG TCA AAG CGG GTC AGC CTG CTT CAG AAC	347
Leu Tyr Pro Thr Gly Ser Lys Ser Lys Arg Val Ser Leu Leu Gln Asn	
85 90 95	
CCC CCC ACA GTG GGG GTG GCC ACA CTG AAA CTG ACT GAC GTC CAC CCC	395
Pro Pro Thr Val Gly Val Ala Thr Leu Lys Leu Thr Asp Val His Pro	
100 105 110	
TCA GAT ACT GGA ACC TAC CTC TGC CAA GTC AAC AAC CCA CCA GAT TTC	443
Ser Asp Thr Gly Thr Tyr Leu Cys Gln Val Asn Asn Pro Pro Asp Phe	
115 120 125	
TAC ACC AAT GGG TTG GGG CTA ATC AAC CTT ACT GTG CTG GTT CCC CCC	491
Tyr Thr Asn Gly Leu Gly Leu Ile Asn Leu Thr Val Leu Val Pro Pro	
130 135 140 145	
AGT AAT CCC TTA TGC AGT CAG AGT GGA CAA ACC TCT GTG GGA GGC TCT	539
Ser Asn Pro Leu Cys Ser Gln Ser Gly Gln Thr Ser Val Gly Gly Ser	
150 155 160	
ACT GCA CTG AGA TGC AGC TCT TCC GAG GGG GCT CCT AAG CCA GTG TAC	587
Thr Ala Leu Arg Cys Ser Ser Ser Glu Gly Ala Pro Lys Pro Val Tyr	

165	170	175	
AAC TGG GTG CGT CTT GGA ACT TTT CCT ACA CCT TCT CCT GGC AGC ATG			635
Asn Trp Val Arg Leu Gly Thr Phe Pro Thr Pro Ser Pro Gly Ser Met			
180	185	190	
GTT CAA GAT GAG GTG TCT GGC CAG CTC ATT CTC ACC AAC CTC TCC CTG			683
Val Gln Asp Glu Val Ser Gly Gln Leu Ile Leu Thr Asn Leu Ser Leu			
195	200	205	
ACC TCC TCG GGC ACC TAC CGC TGT GTG GCC ACC AAC CAG ATG GGC AGT			731
Thr Ser Ser Gly Thr Tyr Arg Cys Val Ala Thr Asn Gln Met Gly Ser			
210	215	220	225
GCA TCC TGT GAG CTG ACC CTC TCT GTG ACC GAA CCC TCC CAA GGC CGA			779
Ala Ser Cys Glu Leu Thr Leu Ser Val Thr Glu Pro Ser Gln Gly Arg			
230	235	240	
GTG GCC GGA GCT CTG ATT GGG GTG CTC CTG GGC GTG CTG TTG CTG TCA			827
Val Ala Gly Ala Leu Ile Gly Val Leu Leu Gly Val Leu Leu Leu Ser			
245	250	255	
GTT GCT GCG TTC TGC CTG GTC AGG TTC CAG AAA GAG AGG GGG AAG AAG			875
Val Ala Ala Phe Cys Leu Val Arg Phe Gln Lys Glu Arg Gly Lys Lys			
260	265	270	
CCC AAG GAG ACA TAT GGG GGT AGT GAC CTT CGG GAG GAT GCC ATC GCT			923
Pro Lys Glu Thr Tyr Gly Gly Ser Asp Leu Arg Glu Asp Ala Ile Ala			
275	280	285	
CCT GGG ATC TCT GAG CAC ACT TGT ATG AGG GCT GAT TCT AGC AAG GGG			971
Pro Gly Ile Ser Glu His Thr Cys Met Arg Ala Asp Ser Ser Lys Gly			
290	295	300	305
TTC CTG GAA AGA CCC TCG TCT GCC AGC ACC GTG ACG ACC ACC AAG TCC			1019
AAG CTC CCT ATG GTC GTG TGACTTCTCC CGATCCCTGA GGGCGGTGAG GGG			1070

Lys Leu Pro Met Val Val

325

GAATATCAAT AATTAAAGTC TGTGGGTACC

1100

【図面の簡単な説明】

【図1】 クローンHP01550がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図2】 クローンHP02593がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図3】 クローンHP10195がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図4】 クローンHP10423がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図5】 クローンHP10506がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図6】 クローンHP10507がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図7】 クローンHP10548がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図8】 クローンHP10566がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

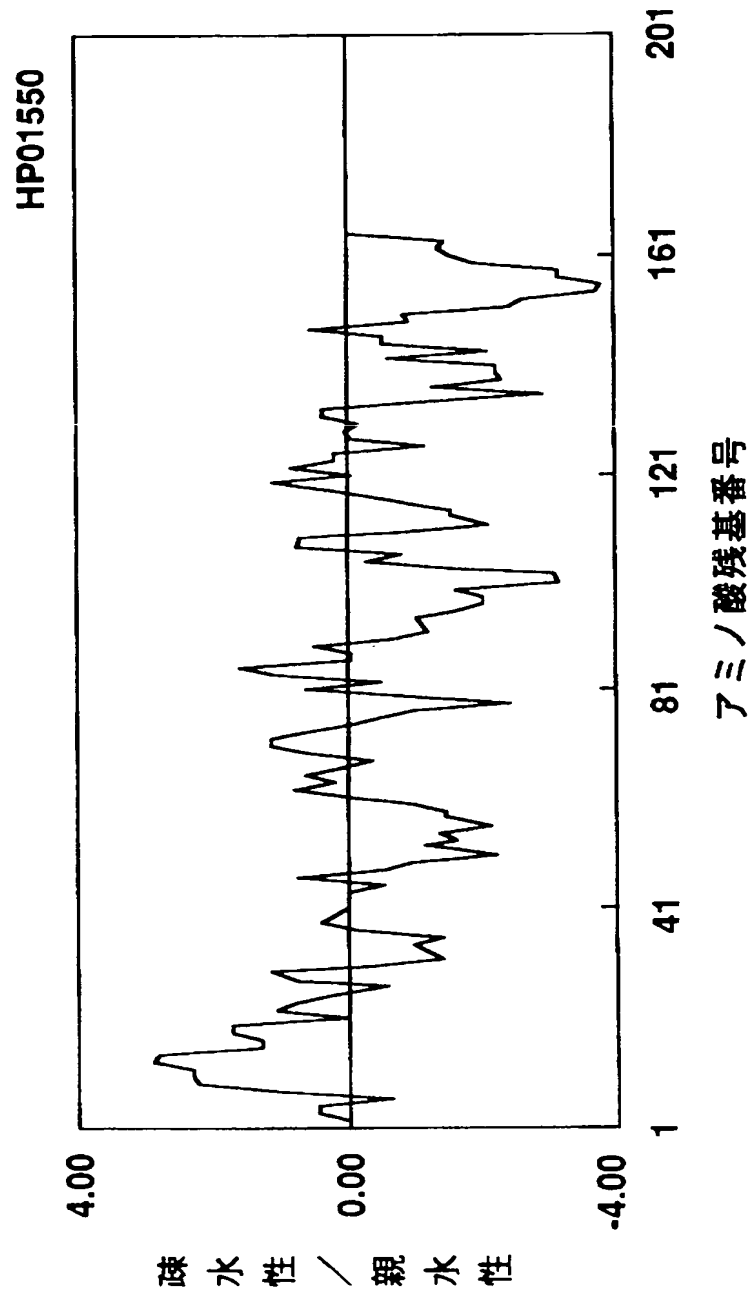
【図9】 クローンHP10567がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図10】 クローンHP10568がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

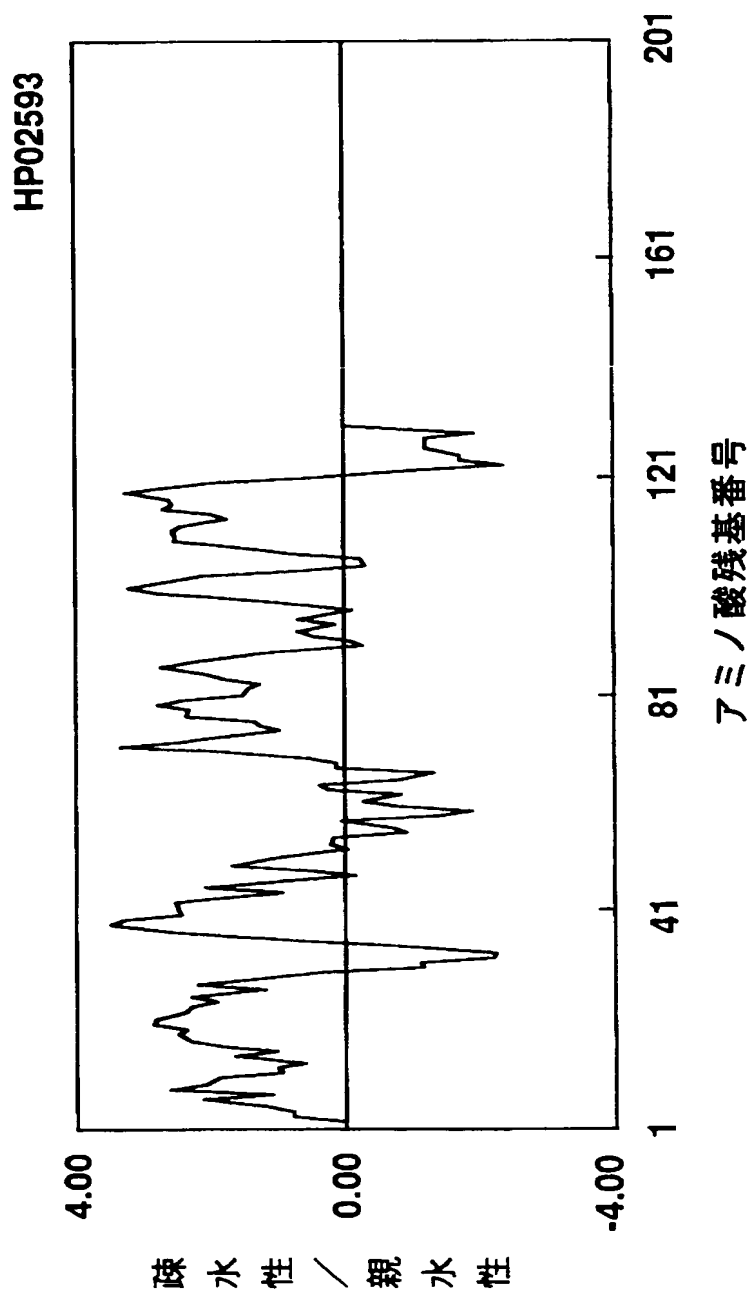
【書類名】

図面

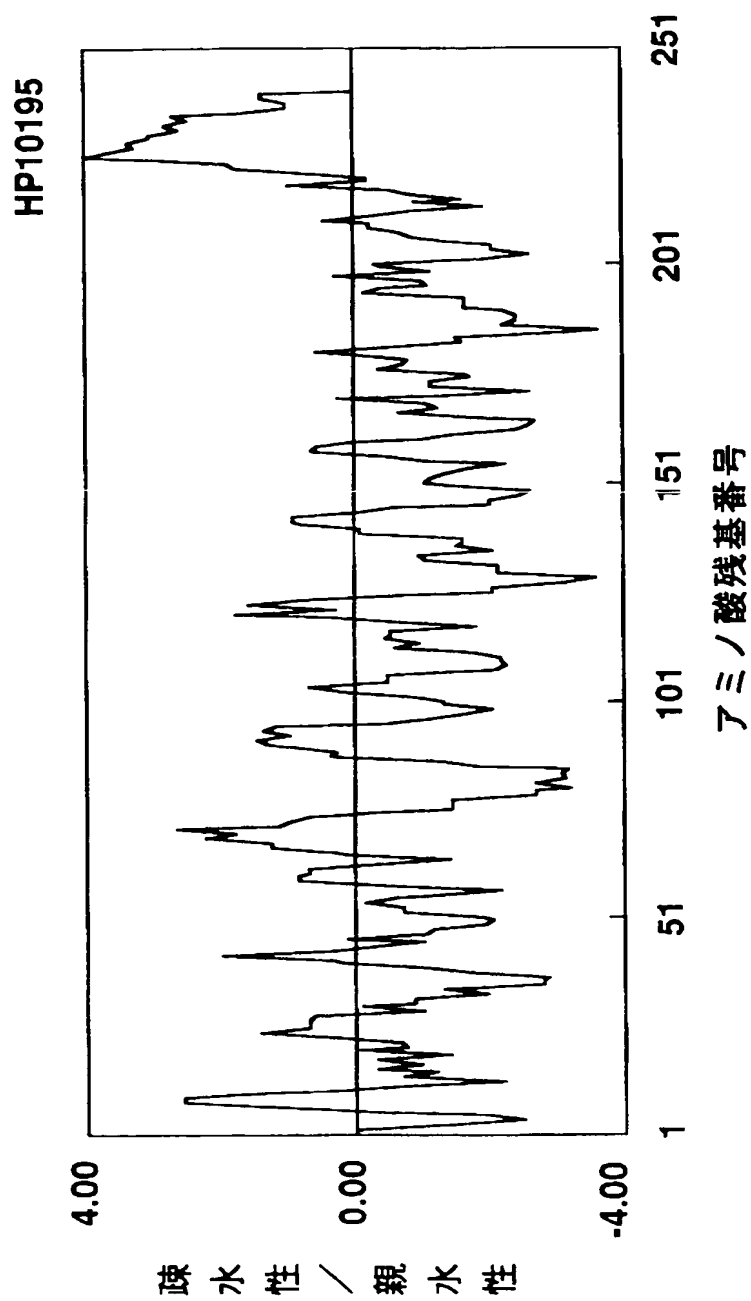
【図 1】



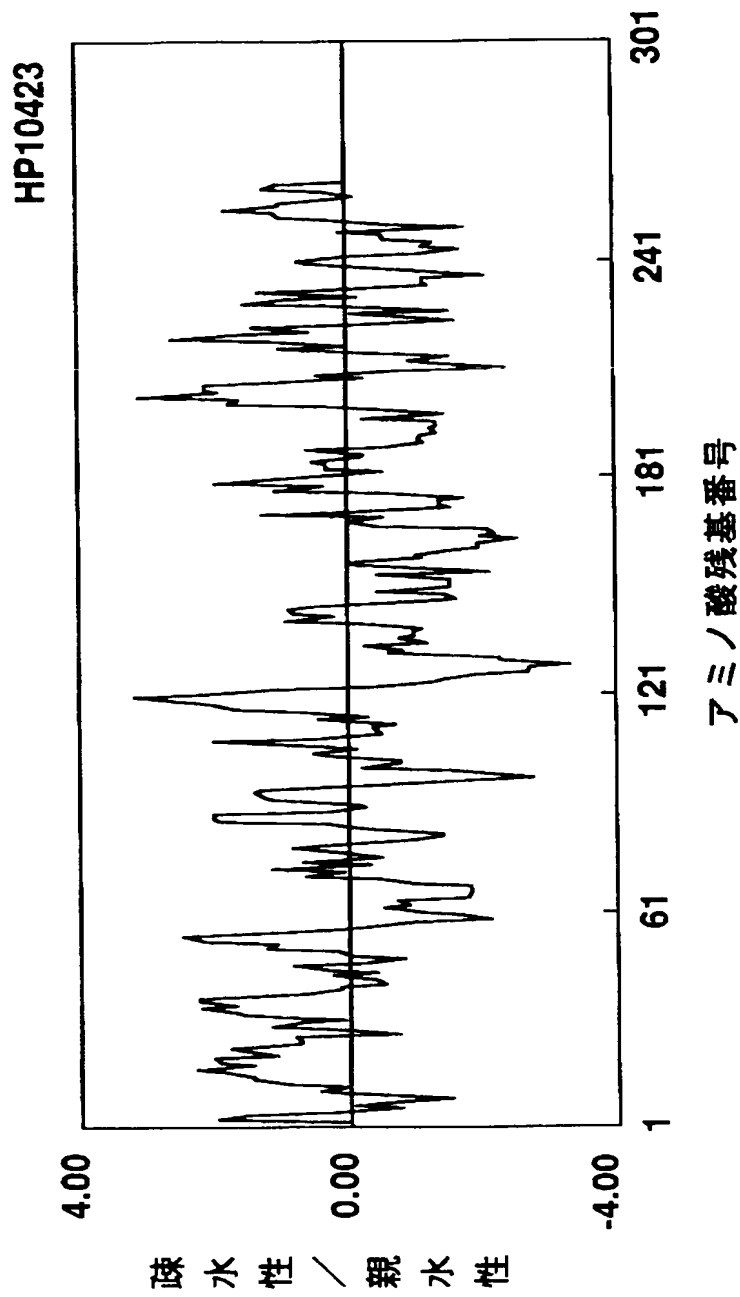
【図 2】



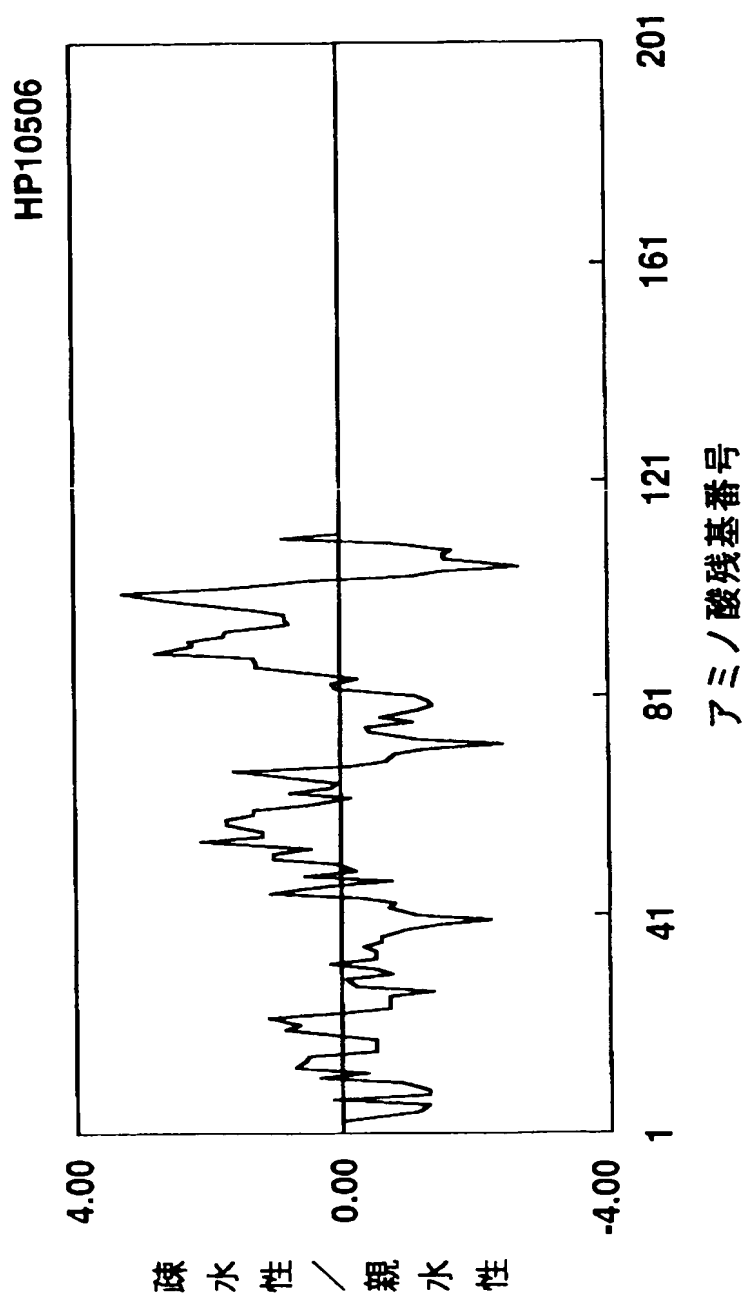
【図 3】



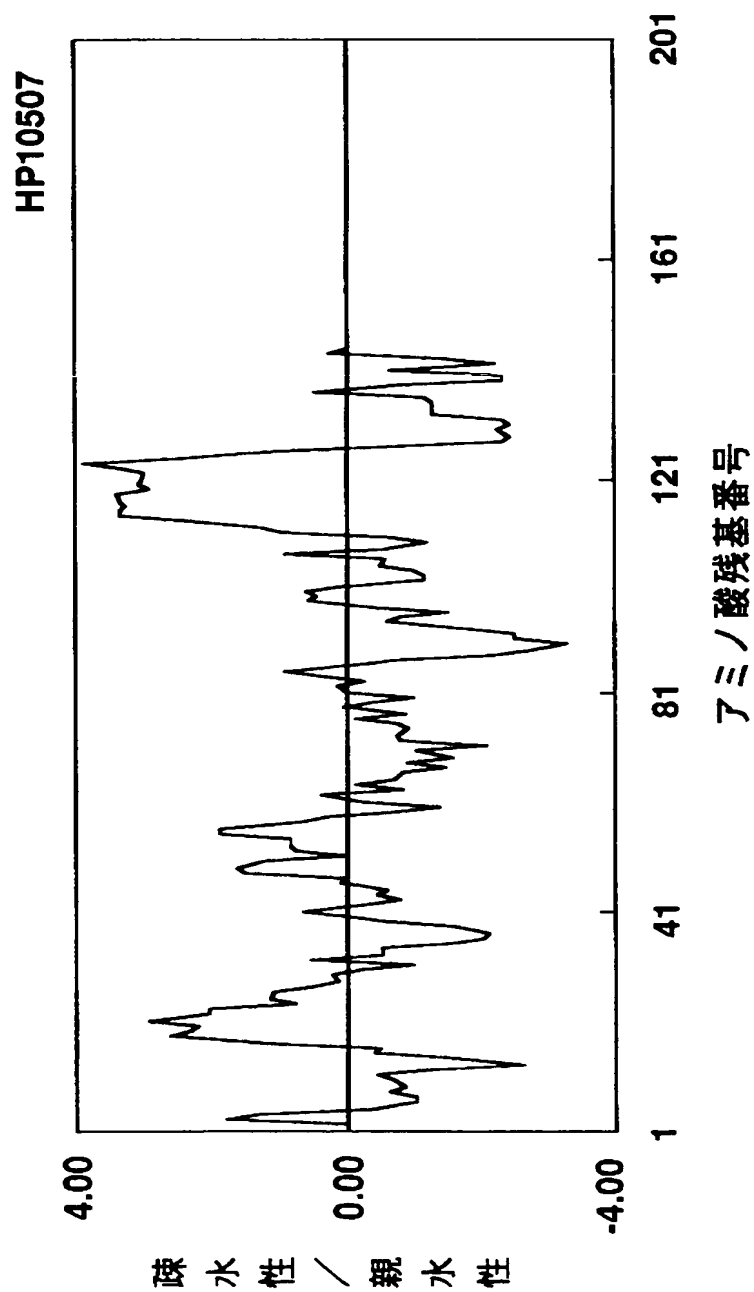
【図4】



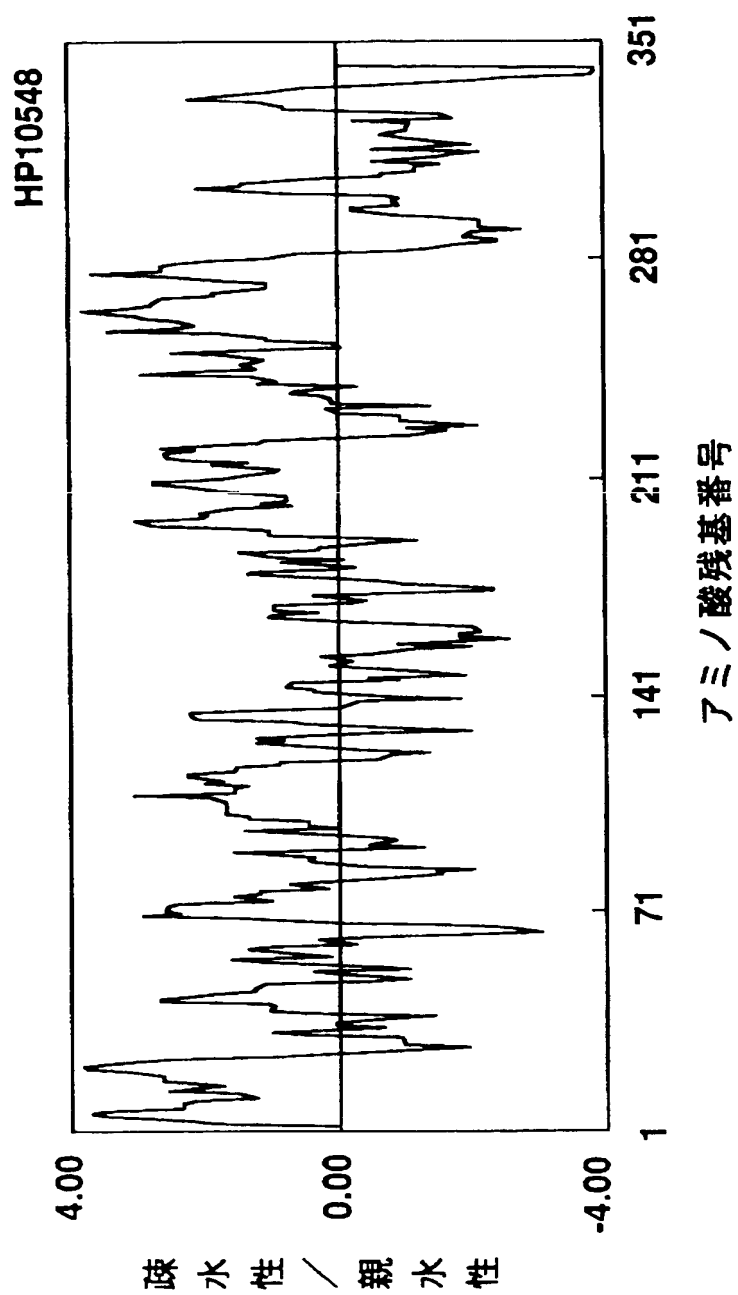
【図 5】



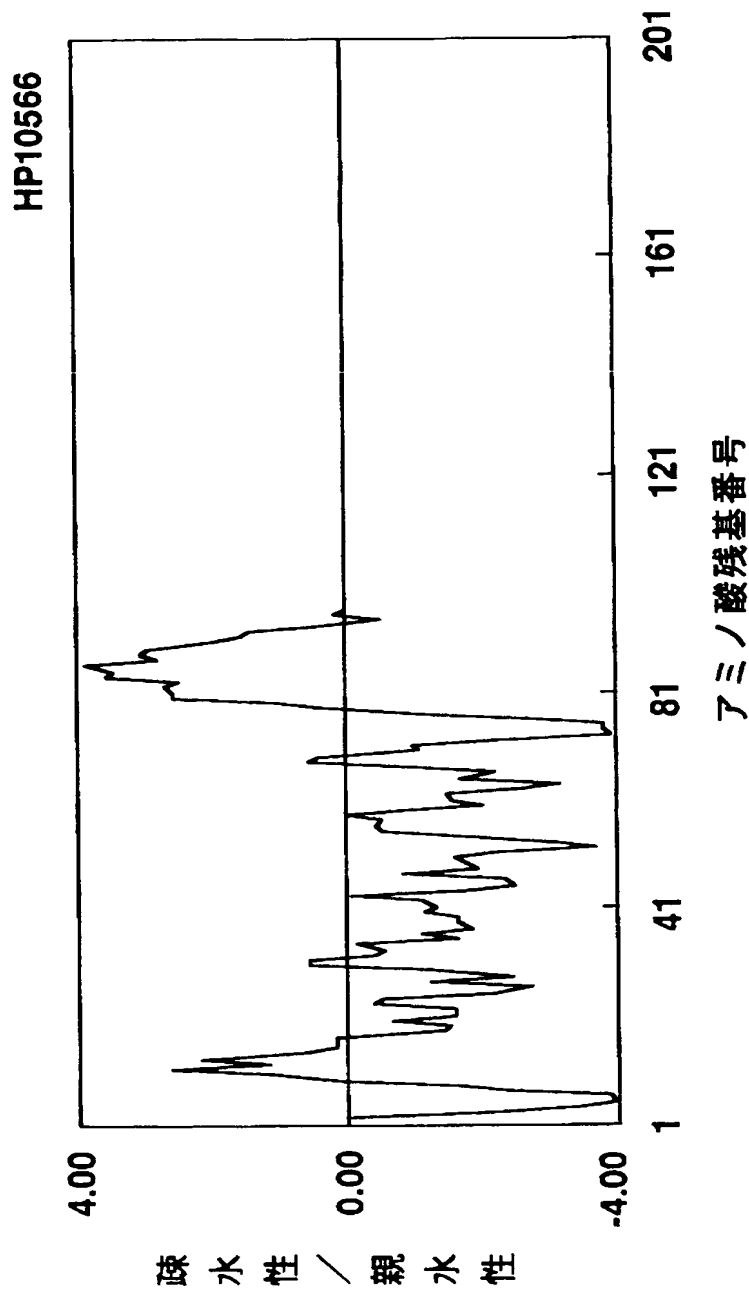
【図 6】



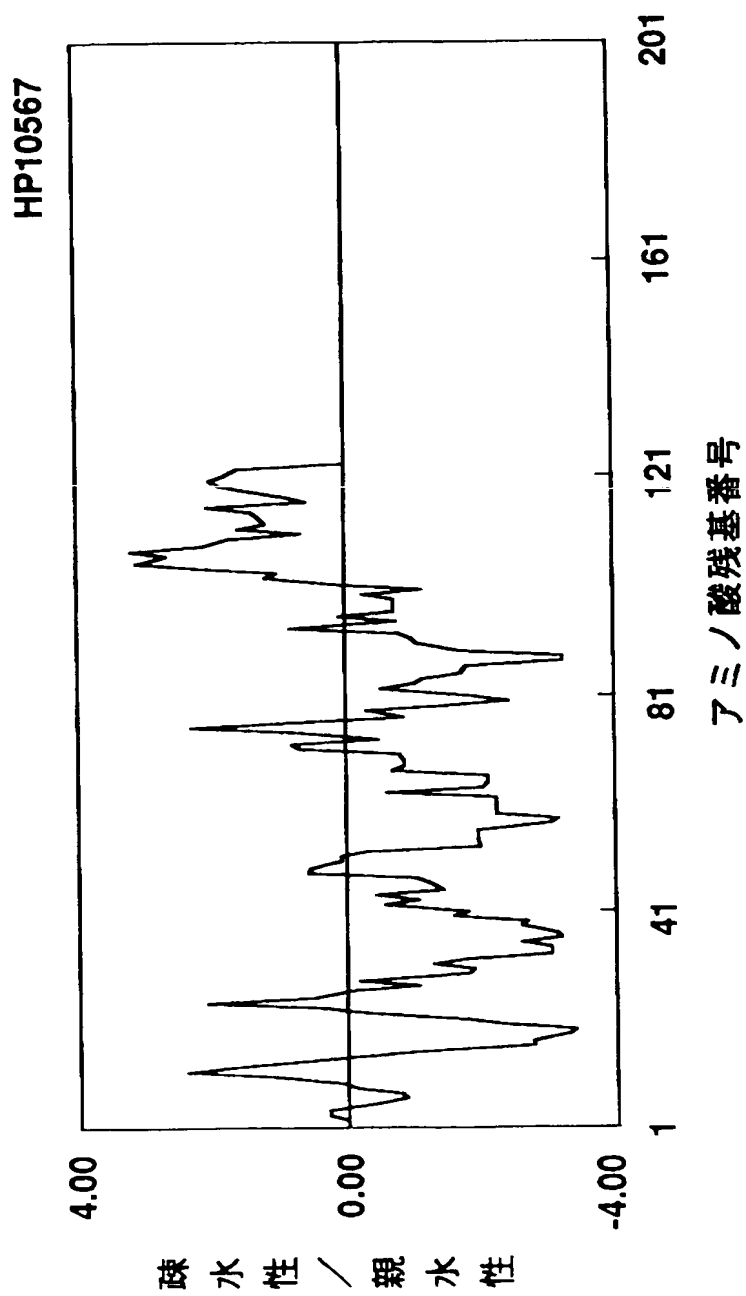
【図7】



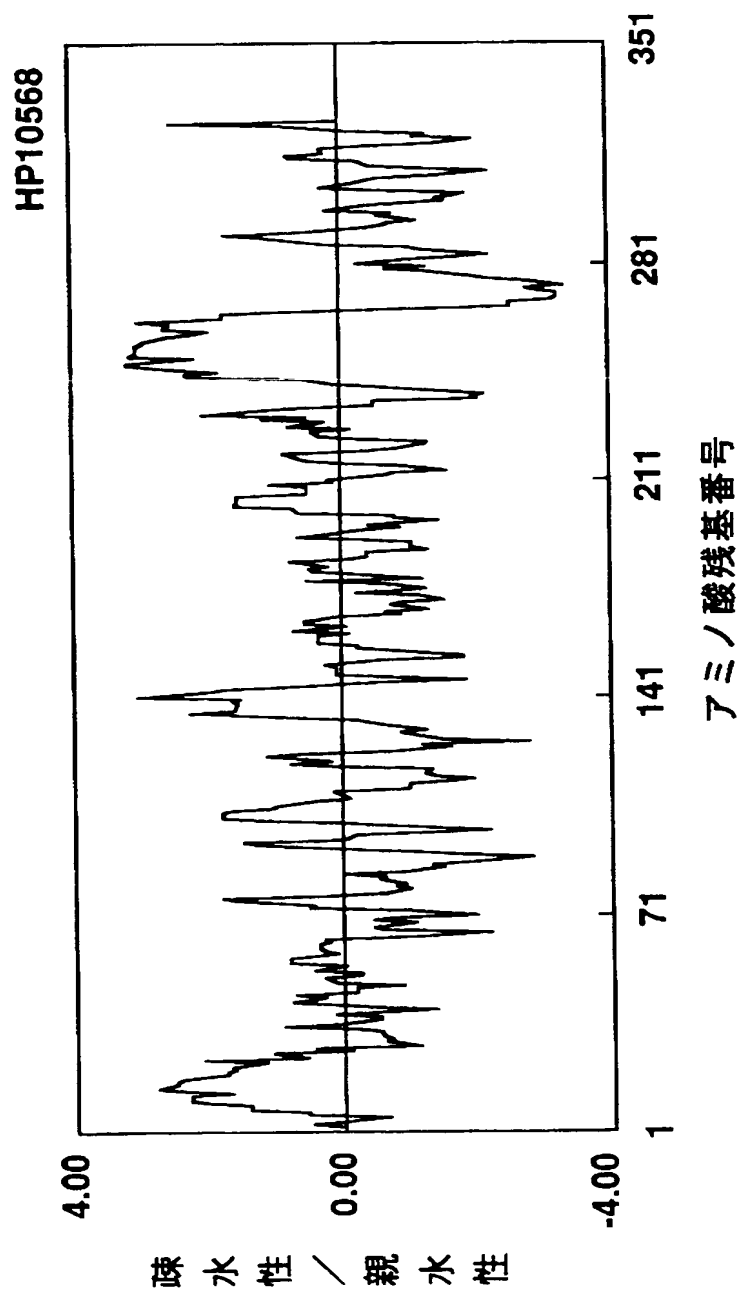
【図 8】



【図9】



【図10】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているcDNA、このcDNAの発現ベクター、およびこのcDNAを発現させた真核細胞を提供する。

【解決手段】 配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質、この蛋白質をコードするDNA、例えば配列番号11から配列番号20で表される塩基配列を含むcDNA、このcDNAの発現ベクター、およびこのcDNAを発現させた真核細胞。疎水性ドメインを有するヒト蛋白質をコードしているcDNAの組換え体を発現させることにより、この蛋白質並びにこの蛋白質を発現する真核細胞を提供することができる。

【選択図】 なし

【書類名】

職権訂正データ

【訂正書類】

特許願

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】

申請人

【識別番号】

000173762

【住所又は居所】

神奈川県相模原市西大沼 4 丁目 4 番 1 号

【氏名又は名称】

財団法人相模中央化学研究所

【特許出願人】

【識別番号】

596134998

【住所又は居所】

東京都目黒区中町 2 丁目 2 0 番 3 号

【氏名又は名称】

株式会社プロテジーン

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [000173762]

1. 変更年月日 1995年 4月14日

[変更理由] 住所変更

住 所 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

氏 名 財団法人相模中央化学研究所

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [596134998]

1. 変更年月日	1996年 9月13日
[変更理由]	新規登録
住 所	東京都目黒区中町2丁目20番3号
氏 名	株式会社プロテジーン